



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

POSTGRADO DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

DIVERSIDAD DE JITOMATES NATIVOS DE OAXACA, PUEBLA Y VERACRUZ

IVAN MARYN MARIN MONTES

T E S I S
PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

MAESTRÍA EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO

2017


CARTA DE CONSENTIMIENTO DE USO DE LOS DERECHOS DE AUTOR Y DE LAS REGALIAS COMERCIALES DE PRODUCTOS DE INVESTIGACION

En adición al beneficio ético, moral y académico que he obtenido durante mis estudios en el Colegio de Postgraduados, el que suscribe IVAN MARYN MARIN MONTES, Alumno (a) de esta Institución, estoy de acuerdo en ser partícipe de las regalías económicas y/o académicas, de procedencia nacional e internacional, que se deriven del trabajo de investigación que realicé en esta institución, bajo la dirección del Profesor DR. RICARDO LOBATO ORTIZ, por lo que otorgo los derechos de autor de mi tesis DIVERSIDAD DE JITOMATES NATIVOS DE OAXACA, PUEBLA Y VERACRUZ y de los productos de dicha investigación al Colegio de Postgraduados. Las patentes y secretos industriales que se puedan derivar serán registrados a nombre el colegio de Postgraduados y las regalías económicas que se deriven serán distribuidas entre la Institución, El Consejero o Director de Tesis y el que suscribe, de acuerdo a las negociaciones entre las tres partes, por ello me comprometo a no realizar ninguna acción que dañe el proceso de explotación comercial de dichos productos a favor de esta Institución.

Montecillo, Mpio. de Texcoco, Edo. de México, a 21 de NOVIEMBRE de 2017



Firma del
Alumno (a)



Vo. Bo. del Consejero o Director de Tesis

La presente tesis titulada: "DIVERSIDAD DE JITOMATES NATIVOS DE OAXACA, PUEBLA Y VERACRUZ" realizada por el alumno: **IVAN MARYN MARIN MONTES** bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS
RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO (A)




Dr. RICARDO LOBATO ÒRTIZ

ASESOR (A)



Dr. GUILLERMO CARRILLO CASTEÑEDA

ASESOR (A)



Dr. JUAN ENRIQUE RODRÍGUEZ PÉREZ

Montecillo, Texcoco, Estado de México, noviembre de 2017

DIVERSIDAD DE JITOMATES NATIVOS DE OAXACA, PUEBLA Y VERACRUZ

MARIN MONTES IVAN MARYN, M. en C.

COLEGIO DE POSTGRADUADOS, 2017

RESUMEN

El mejoramiento genético hace uso de variantes alélicas que modifican caracteres de interés agronómico. En jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) el acervo principal de estas variantes alélicas son los parientes silvestres y nativos, los que evolucionaron de manera independiente al jitomate en diferentes ambientes, lo que propició mayor diversidad con respecto al jitomate cultivado. Por lo anterior, el objetivo de la presente investigación fue evaluar la diversidad genética de jitomates nativos de México y parientes silvestres del jitomate, para seleccionar germoplasma con caracteres de interés sobresalientes que puedan ser utilizados en el mejoramiento genético de esta hortaliza. Por lo anterior, se realizaron dos estudios diferentes, para el primero se realizaron dos caracterizaciones; la primera fue agro morfológica con 20 caracteres de interés agronómico y morfológico, la segunda fue molecular con marcadores SSR. Este estudio permitió concluir que las colectas nativas de México poseen gran diversidad genética y variabilidad alélica que permite su uso en diferentes programas de mejoramiento genético para incorporar nuevos alelos para componentes de rendimiento, tamaño y calidad interna de fruto en el jitomate cultivado. El segundo experimento fue una cruce interespecífica de *S. lycopersicum* x *S. habrochaites* con el objetivo de estimar el grado promedio de dominancia, heterosis y heredabilidad en sentido amplio para rendimiento, sus componentes y calidad, para generar germoplasma útil a partir de dicha cruce interespecífica. El progenitor *S. habrochaites* incrementó 2 mm el diámetro de tallo, 30 cm la altura de planta y 1.1 ° brix los sólidos solubles totales con respecto al mejor progenitor, lo que indicó que este pariente silvestre es de utilidad para generar germoplasma nuevo que permita aprovechar estas características en programas de mejoramiento genético. Con ambos estudios, se concluyó que los parientes silvestres y nativos del jitomate permitieron ampliar la base genética del germoplasma comercial tipo saladette.

Palabras clave: *Solanum lycopersicum*, *Solanum pimpinellifolium*, *Solanum habrochaites*, mejoramiento genético, marcadores moleculares, marcadores morfológicos.

DIVERSITY OF NATIVES TOMATOES FROM OAXACA, PUEBLA Y VERACRUZ

MARIN MONTES IVAN MARYN, M. en C.

COLEGIO DE POSTGRADUADOS, 2017

ABSTRACT

The main problem of tomato breeding (*Solanum lycopersicum* L.) is their narrow genetic basis, but this can change with the use of tomato wild relatives and Mexican native tomatoes as a source of different novel alleles for improve the yield and quality, resistance to biotic and abiotic adverse factors. This research aimed to evaluate the genetic diversity of wild and native relative of tomato to select novel germplasm to use in tomato breeding. For that reason, we made two research. First, we characterized agronomical and morphologically 26 accessions based on 20 descriptors then the collections was characterized with molecular markers using Simple Sequence Repeat (SSR). The research led to conclude that the native tomatoes of Mexico have a broad genetic diversity and allelic variability. For this reason, we can use it in different breeding programs to incorporate new alleles for traits such as fruit yield, size and internal quality of fruit into commercial tomato varieties. In the second research, we evaluated an intercross of a line S₈ derived from a collection of native tomato from Puebla, and the LA1223 accession of *S. habrochaites* as progenitors. The results indicated that *S. habrochaites* increased 2 mm stem diameter, 30 cm height plant and 1.1 ° brix total soluble solids in F1 with respect to the best parent, which indicated that *S. habrochaites* can be used to form interspecific hybrids or lines that allow breeders to take advantage of these traits in plant breeding programs. We conclude that in general native and wild relatives can contribute to broaden the genetic basis of tomato.

Key words: Palabras clave: *Solanum lycopersicum*, *Solanum pimpinellifolium*, *Solanum habrochaites*, plant breeding, molecular markers, morphological markers

DEDICATORIA

A MIMA Montes Rivera, por el apoyo y motivación constante para alcanzar este objetivo de mi vida

A mi esposa Ángela Manuela Velasco García, por compartir su vida conmigo y acompañamiento en este proceso de aprendizaje

AGRADECIMIENTOS

Al pueblo de México por el financiamiento económico a través de Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) para el desarrollo de mis estudios de postgrado en el Colegio de Postgraduados.

Al Dr. Ricardo Lobato Ortiz, por brindarme la confianza y apoyo en todo momento, por compartir sus conocimientos en este campo de estudio, pero sobre todo por su amistad y consejos oportunos para mi formación académica y personal.

Al Dr. Guillermo Carrillo Castañeda por sus orientaciones oportunas y amistad brindada.

Al Dr. Juan Enrique Rodríguez Pérez, por amistad, apoyo y compañía en la continuación de mi formación académica y personal.

Al Dr. J. Jesús García Zavala por sus asesorías en el análisis de datos, su amistad y consejos brindados durante mi estancia en Genética.

A mi esposa Angela M. Velasco García por acompañarme y apoyarme en la toma de datos de campo y laboratorio, y por mucho más...

A mi hermano Fredy Yair, cuñada Brendita y sobrinos Lea y Dante, por todo el cariño y motivación brindada en esta etapa de mi vida.

A mi segunda familia Kame House: Yair, Gregorio, Miguel, Enrique, Eric, Brian, Apolinar, Emmanuel, Eligio, Fernando; por la amistad brindada en las buenas y malas.

A mis primos Aquetzalli y Adrián por su cariño y amistad en todo momento.

Al personal académico de Genética por compartir sus conocimientos para mi formación académica y profesional.

A la señora Dalila^t y Patricia Campos por amistad y apoyo durante mi estancia en Genética

CONTENIDO

RESUMEN	iv
ABSTRACT	v
LISTA DE CUAROS	x
LISTA DE FIGURAS	xi
INTRODUCCIÓN GENERAL	1
MARCO CONCEPTUAL	3
Taxonomía y filogenia del jitomate	3
Origen del jitomate	3
Importancia del jitomate	3
Bancos de germoplasma	5
Caracterización del germoplasma	5
Usos de colectas nativas en el mejoramiento genético de jitomate	8
OBJETIVOS	10
Objetivo general	10
Objetivos específicos	10
Hipótesis	10
LITERATURA CITADA	11
CAPITULO I. RIQUEZA ALÉLICA DE POBLACIONES NATIVAS DE JITOMATE PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO	17
RESUMEN	17
ABSTRACT	18
INTRODUCCIÓN	19
MATERIALES Y MÉTODOS	20
Material vegetal	20
Caracterización agro morfológica	20
Caracterización molecular	21
Análisis estadístico	22
RESULTADOS	24
Caracterización morfológica	24
Análisis de varianza	27

Caracterización molecular	28
Evaluación conjunta	31
CONCLUSIONES	32
LITERATURA CITADA.....	32
MATERIAL COMPLEMENTARIO	37
ANEXOS.....	50
ANEXO 1. SOLUCIONES PARA EXTRACCIÓN DE ADN	50
ANEXO 2. GELES DE ACRILAMIDA (PAGE).....	51
ANEXO 3. SOLUCIONES PARA RELEVADO	53
ANEXO 4. EXTRACCIÓN DE ADN	54
ANEXO 5. CANTIDAD Y CALIDAD DE ADN.....	55
ANEXO 6. ELECTROFORESIS VERTICAL	56
CAPITULO II PARÁMETROS GENÉTICOS DE UNA CRUZA INTERESPECÍFICA DE <i>S. lycopersicum</i> L. x <i>S. habrochaites</i>	58
RESUMEN	58
ABSTRACT	59
INTRODUCCIÓN.....	60
MATERIALES Y MÉTODOS	61
Ubicación	61
Material vegetal.....	61
Evaluación fenotípica.....	61
Análisis estadístico	62
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	62
Análisis de varianza	62
Grado promedio de dominancia y comparación entre genotipos.....	64
Heterosis.....	66
Heredabilidad.....	69
CONCLUSIONES	69
LITERATURA CITADA.....	70
CONCLUSIONES GENERALES	76

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. 1. Microsatélites empleados en la evaluación molecular	23
Cuadro A. 1 Origen de las colectas evaluadas en la caracterización agro morfológica y molecular.....	37
Cuadro A. 2 Valores propios y varianza absoluta y acumulada para los componentes principales obtenidos.....	38
Cuadro A. 3 Vectores propios para tres componentes principales de mayor varianza explicativa para las variables evaluadas	39
Cuadro A. 4. Promedio de variación agro-morfológica para los cuatro grupos identificados en el análisis de agrupamiento	40
Cuadro A. 5. Cuadrados medios y coeficiente de variación para el análisis de varianza combinado entre los grupos obtenidos en el análisis de agrupamiento para 20 variables evaluadas en los genotipos empleados.....	41
Cuadro A. 6 Comparación de medias entre colectas de grupo II para las variables con diferencias significativas del análisis de varianzas.....	43
Cuadro A. 7. Comparación de medias entre colectas de grupo III para las variables con diferencias significativas del análisis de varianzas.....	44
Cuadro A. 8. Comparación de medias entre colectas de grupo IV para las variables con diferencias significativas del análisis de varianzas.....	45
Cuadro A. 9. Alelos identificados con base al peso molecular para cada iniciador empleado	46
Cuadro A. 10. Valores de número de alelos observados y efectivos, índice de Shannon, heterocigocidad observada y esperada y contenido de información polimórfica para los loci evaluados	47
Cuadro A. 11. Valores del número de alelos observados, índice de Shannon, heterocigocidad observada, esperada y promedio, Índice de Nei y loci polimórficos para cada colecta evaluada	48
Cuadro A. 12. Valores del número de alelos observados, índice de Shannon, heterocigocidad observada, esperada y promedio, Índice de Nei y loci polimórficos para los grupos identificados en el análisis de agrupamiento.....	49
Cuadro A. 13. Estadísticos de F-Wright para los grupos identificados en el análisis de agrupamiento.....	49
Cuadro 2. 1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado y heredabilidad en sentido amplio para 14 caracteres en una craza de <i>S. lycopersicum</i> x <i>S. habrochaites</i>.....	63
Cuadro 2. 2. Comparación de medias y grado promedio de dominancia de 14 caracteres en craza interespecífica de <i>S. lycopersicum</i> x <i>S. habrochaites</i>.....	65
Cuadro 2. 3. Heterosis con respecto al progenitor medio para 14 caracteres evaluados en una craza interespecífica de <i>S. lycopersicum</i> x <i>S. habrochaites</i>	67

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Distribución de los genotipos con base a tres componentes principales	25
Figura 2. Dendrograma jerárquico obtenido mediante distancias Euclidianas de nueve caracteres morfológicos de mayor correlación en el análisis de componentes principales	26
Figura 3. Dendrograma molecular obtenido con la distancia genética de Rogers empleando 93 alelos identificados.....	29
Figura 4. Dendrograma conjunto obtenido con distancia de Gower en nueve caracteres agro morfológicos y 93 alelos.....	31

INTRODUCCIÓN GENERAL

El mejoramiento genético vegetal es una ciencia multidisciplinaria que emplea diferentes áreas del conocimiento como agronomía, botánica, genética, citogenética, genética molecular, fisiología, patología, entomología, bioquímica y estadística, para la creación, selección y fijación de mejores fenotipos en el desarrollo de cultivares superiores que se ajusten tanto a las necesidades de productores y consumidores (Gepts y Hancock, 2006; Moose y Muhm, 2008).

Para el desarrollo del mejoramiento genético se emplea la variación genética natural existente en las especies de interés agrícolas, esta evolucionó a la par de las necesidades de la humanidad, siendo este suceso considerado como el primer ensayo del mejoramiento genético clásico (Villalobos y Engelman, 1995; Varshney *et al.*, 2009).

Los parientes silvestres y razas de cada especie son fuente de alelos novedosos debido a su amplia base genética que acumularon en su proceso de evolución, en cambio las variedades comerciales o germoplasma élite redujeron su base genética debido al proceso de selección y mejoramiento al que fueron sometidas (Ferniet *et al.*, 2006).

En el germoplasma comercial de jitomate tipo saladette o bola es difícil la identificación de polimorfismo, lo que obliga a emplear la variación genética existente en jitomates nativos y/o parientes silvestres, donde se puede obtener nuevos alelos que permitan ampliar la base genética de las variedades mejoradas. Por lo anterior, se han realizado evaluaciones tanto agronómicas, morfológicas y moleculares en diferentes accesiones nativas y/o silvestres de jitomate para identificar genotipos que puedan ser fuente de nuevas variantes alélicas que sean útiles para el mejoramiento de germoplasma élite. Así, Álvarez *et al.* (2009) reportaron para jitomate silvestre (*Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*) en Michoacán frutos grandes (2.1 y 2.4 cm de diámetro) y frutos pequeños (1.1 cm de diámetro); mientras que Carrillo y Chávez (2010) encontraron que los frutos tipo cereza silvestres y semi domesticados varían de 1.3 a 2.7 cm de diámetro. Del mismo modo, Bonilla *et al.* (2014), detectaron variabilidad fenotípica amplia en colectas de jitomate nativo reflejada en diferentes formas de fruto, por ejemplo para frutos con forma arriñonada encontraron valores de 4.89 lóculos, 37.4 mm de diámetro y 29.36 mm de longitud de fruto, con sólidos solubles de 3.88 ° brix; y en jitomates tipo cereza y ojo de venado observaron frutos con diámetro de 23.44 mm y longitud de 21.29 mm, con sólidos solubles de 4.44 ° brix.

En parientes silvestres, Flores-Hernández *et al.* (2017) evaluaron accesiones silvestres que mostraron características diferentes que podrían ser de utilidad para el enriquecimiento de la base genética reducida del jitomate, por ejemplo *S. habrochaites* fue mejor para sólidos solubles, peso de fruto y longitud de hoja. Así, Top *et al.* (2014) demostraron que la accesión LA1223 de *S. habrochaites* puede ser usada para incrementar la actividad antioxidante y contenido fenólico de los frutos.

MARCO CONCEPTUAL

Taxonomía y filogenia del jitomate

El jitomate cultivado *Solanum lycopersicum* L. pertenece a la familia de las *Solanáceas*, pertenece al clado *Solanoideae* y a la sección *Solanum Lycopersicon* (Knapp, 2002). La sección *Solanum Lycopersicon* consta de 13 taxa muy relacionados, el jitomate y 12 especies silvestres consideradas como sus parientes silvestres, los cuales son: *Solanum arcanum*, *S. cheesmaniae*, *S. chilense*, *S. chmielewskii*, *S. corneliomulleri*, *S. galapagense*, *S. habrochaites*, *S. huaylasense*, *S. neorickii*, *S. pennellii*, *S. peruvianum* y *S. pimpinellifolium* (Knapp y Peralta, 2016).

El jitomate cultivado pertenece a un grupo derivado muy recientemente dentro del clado y no es una especie silvestre, sino que es una planta domesticada por los seres humanos derivada de su progenitor silvestre *S. pimpinellifolium* (Knapp y Peralta, 2016)

Origen del jitomate

Los parientes silvestres del jitomate son endémicos de Sudamérica, en cambio el origen y domesticación del jitomate es controversial porque existen diferentes hipótesis sobre su domesticación (Knapp y Peralta, 2016). Entre estas teorías se encuentra la teoría de Peralta y Spoonner (2007) que considera que el jitomate se desarrolló independientemente en áreas diferentes: Perú y México; pero debido a variabilidad genética que se encontró en las colectas silvestres y cultivadas en México, este se considerada como un centro de domesticación del jitomate. Similarmente, Blanca *et al.* (2013) plantearon que las plantas de Ecuador y Perú representan poblaciones previas al mejoramiento; en contraste el jitomate se desarrolló realmente como planta cultivada en México y Mesoamérica.

Importancia del jitomate

Importancia agrícola mundial

Pocas hortalizas a nivel mundial presentan gran demanda en el mercado, tal es el caso del jitomate que es una de las especies hortícolas con mayor aceptación en todas las cocinas del mundo, lo que se reflejó en una superficie sembrada para 2014 de 5, 023, 810; con producción anual de 170, 750, 767 toneladas en 2014 y rendimiento de 33.98 toneladas / hectárea (FAOSTAT, 2014).

En 2014, Asia fue el principal continente productor con 101, 638 892 toneladas, le siguió América con 26, 869,984 toneladas y Europa fue el tercer productor con 22, 733, 823 toneladas. (FAOSTAT, 2014).

Los países con mayor producción para 2014 fueron: China (52, 586, 860 toneladas), India (18, 735, 910) y Estados Unidos de América (14, 516, 060). México ocupó la décima posición con 3, 536, 305 toneladas. (FAOSTAT, 2017).

Importancia agrícola nacional

En México, el jitomate fue la segunda hortaliza con mayor superficie sembrada en el año 2016 con más de 51, 000 hectáreas y producción de 2, 800, 000 toneladas lo que representó un valor de \$ 15, 735, 506. 33 (SIAP, 2016).

Las cinco principales entidades productoras, en 2016, fueron Sinaloa, Michoacán, Zacatecas, San Luis Potosí, Baja California Sur y Jalisco (SIAP, 2016).

Importancia nutritiva

El consumo de jitomate está asociado con numerosos beneficios a la salud, como la prevención de enfermedades crónico-degenerativas y cardiovasculares. Los responsables de estas propiedades en los frutos, son los compuestos antioxidantes que comprenden al licopeno, flavonoides, fenoles y vitaminas como C y E (Luna-Guevara y Delgado-Alvarado, 2014)

Lo anterior se debe a que el jitomate es una fuente de vitaminas A y C, β -caroteno y licopeno (Mangels *et al.*, 1993; Notario-Medellín y Sosa-Morales, 2012) aunque contiene otros compuestos como carotenoides (Carrillo *et al.*, 2010). El contenido de vitaminas y/o antioxidantes varía de forma notoria en el jitomate; así, la vitamina C es la más abundante (22-48 mg/100 g FF) seguida de la vitamina E, principalmente α -tocoferol en semillas, desde 0.1 mg a 3.2 mg/100g FF (Steward *et al.*, 2000).

Importancia para la ciencia

El jitomate se convirtió en una planta modelo excelente para la investigación básica y para la investigación aplicada de plantas, porque el jitomate permite investigar aspectos que no son posibles en *Arabidopsis thaliana* (Carvalho *et al.*, 2011). Además, otra ventaja de esta especie es su genoma compacto de solo 950 Mpb y ~1300 cM, y mapas genéticos de

ligamiento disponibles (SGN, 2017). Asimismo, posee una enorme cantidad de recursos genéticos (Tomato Genetics Resource Center, 2017) y protocolos de transformación eficientes (Pino *et al.*, 2010; Carvalho *et al.*, 2011).

Bancos de germoplasma

La biodiversidad vegetal se conserva aproximadamente en 1 240 bancos de germoplasma, en los cuales se concentran 4.6 millones de muestras, principalmente de cereales (35 %), hortalizas (17 %) y forrajes (15 %) (FAO, 2010).

En específico para jitomate, a nivel mundial se tienen registrados 83 720 accesiones en 164 bancos de germoplasma, en los que destaca el banco de germoplasma “World Vegetable Centre (former Asian Vegetable Research and Development Centre) con la mayor cantidad de accesiones de jitomate en el mundo con 7 548 accesiones (FAO,2010); en contraste, los bancos de germoplasma de México solo registraron 321 muestras de jitomate hasta 2006; la Red Nacional de Jitomate realizó la colecta y resguardo de 491 accesiones de jitomate nativo en 2012, por lo que en total en México solo existen 812 accesiones de jitomate resguardadas (Molina y Cordova, 2006, Lobato *et al.*, 2012). Aunado a esto, solo el 46 % de las accesiones han sido caracterizadas en México, y a nivel mundial se observa la misma tendencia, por lo cual se requiere de realizar la caracterización del germoplasma que será resguardado y del que se encuentra en los bancos de germoplasma.

Caracterización del germoplasma

La caracterización de germoplasma es la medición de los caracteres cualitativos y cuantitativos de alta heredabilidad o que se transmiten a la descendencia del germoplasma en cualquier ambiente, lo que permite determinar el grado de similitud entre las accesiones por medio de su apariencia morfológica o fenotipo y de variabilidad en la colección. Esta variabilidad se mide con pocas o muchas variables o descriptores cuyos datos conforman una dispersión de puntos con una dirección o vector e interrelacionan para conformar las distancias genéticas entre las accesiones (Franco e Hidalgo, 2003).

Actualmente existen diferentes métodos para realizar la caracterización del germoplasma, las cuales se basan en caracteres botánicos-taxonómicos, agro morfológicos y evaluativos, o bien la combinación de estos métodos (Franco e Hidalgo, 2003).

Los caracteres botánicos-taxonómicos son aquellos donde se evalúan caracteres morfológicos que describen e identifican la especie y son comunes a todos los individuos de

esa especie, en su mayoría tienen alta heredabilidad y poca variabilidad. Algunos caracteres morfológicos de interés son: forma de hoja, forma de fruto y descripción de flor (Franco e Hidalgo, 2003).

Los caracteres agro-morfológicos corresponden a los caracteres morfológicos que son relevantes en la utilización de las especies cultivadas. Incluyen caracteres botánicos-taxonómicos y caracteres que son importantes desde el punto de vista agronómico, genético y comercial. Algunos caracteres evaluados son forma de hojas, tamaño y color de frutos, arquitectura de planta y descriptores de rendimiento (Franco e Hidalgo, 2003).

Los caracteres evaluativos evalúan la variabilidad que se expresa solo en respuesta a estímulos ambientales bióticos o abióticos. Para poder realizar estas evaluaciones se hace uso de marcadores moleculares (Franco e Hidalgo, 2003).

Sin importar el tipo de caracteres a emplear, es recomendable utilizar los descriptores para cada especie que permiten realizar una caracterización adecuada, para el caso de jitomate se sugiere el uso de los descriptores propuestos por IPGRI (1996).

Caracterización morfológica

Debido a la amplia diversidad de jitomate en México se han sugerido diferentes formas de agrupación de la diversidad presente, por ejemplo Lobato *et al.* (2012), sugirieron la existencia de cinco grupos de jitomate nativos con base a caracteres de tamaño y peso del fruto, con base a diferentes caracterizaciones morfológicas realizadas en jitomate nativo de México, los grupos propuestos fueron: citlalillo (1.2 a 1.5 cm), cereza clásico mexicano o citlale (1.51 a 2.0 cm), ojo de venado (2.1 a 2.74 cm), tipo arriñonado (3.0 a 8.0 cm) y los tipo cuadrado o tipo pimiento (4 a 8 cm).

Una forma distinta de agrupación fue propuesta por Marín-Montes *et al.* (2016) quienes evaluaron 55 colectas de jitomate nativas de México en las que sugieren la existencia de 3 grupos con base a caracteres morfológicos como número de nudos por planta, forma y tamaño de fruto, color antes de madurez y número lóculos por fruto.

Otros objetivos de la caracterización son la comparación dentro de un mismo tipo de jitomate para evaluar su diversidad, por ejemplo en frutos tipo cereza se han encontrado diferencias entre colectas evaluadas por diferentes autores. Carrillo y Chávez (2010) encontraron para que los frutos tipo cereza silvestres y semi domesticados varían de 1.3 a 2.7

cm de diámetro. Por su parte, Agudelo *et al.* (2011) encontraron frutos tipo cereza con una variación en la longitud de fruto de 1.83 cm a 5.03 cm.

Al comparar colectas nativas con cultivares comerciales se pueden encontrar diferencias entre estos genotipos debido a la base genética las poblaciones, así Mazzucato *et al.* (2008) evaluaron la diversidad genética de 61 accesiones de jitomate cultivado o parientes silvestres originarias del sur de Italia y Latinoamérica, los cuales conservan un alto grado de similitud genética comparado con los cultivares comerciales, principalmente en caracteres vegetativos y reproductivos.

Caracterización agro-morfológica

Para caracteres de fruto, trabajos diferentes mostraron la diversidad para estos caracteres; por ejemplo, Maldonado *et al.* (2016), encontraron diferentes grados de variación en caracteres de fruto en colectas nativas de México, en frutos arriñonados el número de lóculos promedio fue de 5.8, los diámetros polar y ecuatorial de fruto fueron 37.9 mm y 47.1 mm respectivamente, con sólidos solubles de 3.8 ° Brix. En frutos de tipo cereza Boada *et al.* (2010) encontraron diámetros de fruto de 25 mm a 70 mm y sólidos solubles de 3.9 a 6.2 ° Brix.

Respecto a caracteres de días a floración y días a madurez se han encontrado diferencias respecto a los cultivares comerciales, lo que puede ser de utilidad en la modificación de precocidad de los cultivares. Por ejemplo, Carrillo y Chávez (2010) encontraron colectas de jitomate semi domesticado con 38 a 50 días a floración después de trasplante y 41 a 62 días a maduración; en cambio, Bonilla *et al.* (2014) encontraron genotipos tardíos con 82 a 113 días a floración después de trasplante y 126 a 163 días a maduración. Vázquez-Ortiz *et al.* (2010) identificaron jitomates tipo bola tardíos con 32 días a floración y 71 días a madurez y colectas de jitomate tipo saladette con 25 días a floración y 65 días a madurez.

Los caracteres de número de flores y frutos de racimo son muy importantes para el rendimiento, por esto es importante su evaluación. Florido *et al.* (2008) encontraron una variación de 3.5 a 24 flores por racimo y 2.5 a 17 frutos por racimo; en contraste, Dueñas *et al.* (2008) detectaron plantas con racimos con 3 a 9 frutos. Bonilla *et al.* (2014) observaron un rango de variación de 7 a 15 flores por racimo y de 4 a 8 frutos por racimo.

Caracterización molecular

Los marcadores moleculares son útiles para evaluar la diversidad dentro y entre poblaciones. En los últimos años los marcadores tipo microsatélite se han convertido en los marcadores moleculares más utilizados en diferentes campos de estudios, debido a su alto polimorfismo y la relativa facilidad de puntuación (Zane *et al.*, 2002).

Los microsatélites o repeticiones de secuencia simple (SSRs) son secuencias repetidas en tándem de 1-6 bases encontradas en todos los genomas procariotas y eucariotas analizados hasta la fecha. Los microsatélites están presentes tanto en regiones codificantes como no codificantes y se caracterizan habitualmente por su polimorfismo alto (Zane *et al.*, 2002).

El uso de SSR en jitomate ha permitido evaluar la diversidad genética y detectar alelos en las poblaciones evaluadas. Por ejemplo, Benor *et al.* (2008) determinaron 150 alelos en 35 *loci* de 39 líneas de jitomate cultivado mediante microsatelites, con tal información realizaron agrupaciones de estas líneas con base a distancias genéticas lo que pueden permitir el mejor diseño de cruza entre las líneas evaluadas para obtener mayor heterosis y mejores híbridos. Zhou *et al.* (2015) identificaron 52 alelos en 43 accesiones de jitomate (29 cultivados y 14 silvestres) con base en los cuales concluyeron que el coeficiente de similitud entre jitomates silvestres es menor que el coeficiente de similitud entre los cultivados.

En lo que respecta al análisis de QTLs, se ha logrado obtener diferentes asociaciones entre marcadores y caracteres cuantitativos de interés para el mejoramiento genético de la especie. Liu *et al.* (2016) realizaron una crusa interespecífica entre un cultivar de *S. lycopersicum* L., sensible a frío, y la accesión LA2184 de *S. pimpinellifolium* L., tolerante a frío; esta permitió determinar 9 QTLs que podrían ayudar para el mapeo fino para resistencia a frío.

Otro ejemplo de análisis de QTLs es el trabajo de Hernández *et al.* (2015), quienes realizaron la crusa interespecífica de *S. lycopersicum* L. x *S. pimpinellifolium* L. para evaluar QTLs de rendimiento, con lo cual encontraron que el rendimiento de jitomate está principalmente influenciado por QTLs de tamaño de fruto, lo anterior se concluyó con base a 25 QTLs para seis caracteres de fruto con un rango de explicación de la varianza fenotípica de 4 a 12 %.

Usos de colectas nativas en el mejoramiento genético de jitomate

El paso posterior a la caracterización del germoplasma es el empleo de las variantes de interés en la formación de nuevas variedades. Muestra de esto fue el trabajo para la formación

de híbridos interpoblacionales generados por Pinacho *et al.* (2011), quienes encontraron que los cruzamientos entre poblaciones silvestres de jitomate y poblaciones cultivadas de fruto tipo riñón y saladette permiten obtener mejores características en los híbridos, los cuales son superiores en número de flores y frutos, precocidad, altura de la planta y grosor de tallo. Del mismo modo, Martínez-Vásquez *et al* (2017) sugirieron que el germoplasma nativo tiene alto potencial para ser usado en la generación de híbridos o variedades de polinización libre en programas de mejoramiento genético, debido a que encontraron híbridos derivados de colectas nativas con rendimientos superiores o igual que los híbridos comerciales.

Así como se puede mejorar el rendimiento con jitomates nativos es posible mejorar la calidad de fruto, debido a que sobresalen sus contenidos de licopeno, vitamina C, fenoles y sólidos solubles (Chávez *et al.*, 2011).

Otro uso potencial para la diversidad de jitomate es la obtención de la resistencia a factores adversos abióticos y bióticos. Se encontró genotipos con tolerancia al ataque de mosquita blanca (*Bemisia spp*) y virus (Lucatti *et al.*, 2014; Wolters *et al.*, 2015). En tanto a factores abióticos es posible encontrar genotipos con tolerancia a factores ambientales como salinidad (NaCl) (Estrada-Trejo *et.al.*, 2014), al igual a altas concentraciones de aluminio, y en colectas tropicales se detectó resistencia a alta humedad relativa (Chávez *et al.*, 2011). De igual manera se ha encontrado segregación con tolerancia a frío (Liu *et al.*, 2016; Ntatsi *et al.*, 2017; Poudyal *et al.*, 2015; Poudyal *et al.*, 2017).

OBJETIVOS

Objetivo general

- Evaluar la diversidad de jitomates nativos de México, para seleccionar los mejores genotipos con caracteres de interés sobresalientes que puedan ser utilizados en el mejoramiento genético de esta hortaliza.

Objetivos específicos

- Realizar la caracterización morfológica de 26 colectas de jitomate nativo de México
- Realizar la caracterización molecular de 26 colectas de jitomate nativo de México empleando marcadores SSR
- Identificar los mejores genotipos y proponerlos para su uso en los programas de mejoramiento de esta hortaliza.
- Estimar el grado promedio de dominancia, heterosis y heredabilidad en sentido amplio en una cruce interespecífica *S. lycopersicum* L x *S.habrochaites*, para generar estrategias de aprovechamiento de *S. habrochaites* en el mejoramiento genético.

Hipótesis

Las colectas de jitomate nativo de México poseen mayor diversidad que el germoplasma élite; entre las cuales se pueden seleccionar genotipos con características agronómicas y morfológicas superiores al germoplasma élite, que pueden ser empleados para el mejoramiento genético de jitomate.

LITERATURA CITADA

- Agudelo A., A. G., N., Ceballos A. y F. J. Orozco (2011)** Caracterización morfológica del tomate tipo cereza (*Solanum lycopersicum* L.). *Agronomía* 19:44-53.
- Álvarez-Hernández J. C., H., Cortés-Madrigal, e I. García-Ruíz (2009)** Exploración y caracterización de poblaciones silvestres de jitomate (Solanaceae) en tres regiones de Michoacán, México. *Polibotánica* 28: 139-159.
- Blanca, J., J., Cañizares, L., Cordero, L., Pascual, M. J., Diez and F. Nuez (2013)** Variation revealed by SNP genotyping and morphology provides insight into the origin of the tomato. *PLoS ONE* 7:e48198.
- Benor, S., M., Zhang, Z. Wang and H. Zhang (2008)** Assessment of genetic variation in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) inbred lines using SSR molecular markers. *Journal of Genetics and Genomics* 35:373-379.
- Boada H., M. Y., J. L., Mejía R., N. Ceballos A. y F. J. Orozco (2010)** Evaluación agronómica de treinta introducciones de tomate silvestre tipo cereza (*Solanum lycopersicum* L.). *Agronomía*. 18: 59-67.
- Bonilla-Barrientos O., R., Lobato-Ortiz., J. J., García-Zavala, S., Cruz-Izquierdo, D., Reyes-López, E. Hernandez-Leal y A., Hernández-Bautista (2014)** Diversidad agronómica y morfológica de tomates arriñonados y tipo pimiento de uso local en Puebla y Oaxaca, México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 37: 129-139.
- Carrillo J. R. y J. L. Chávez S. (2010)** Caracterización agromorfológica de muestras de tomate de Oaxaca. *Revista Fitotecnia Mexicana* 33: 1-6.
- Carrillo, L. A.; Yahia, E. M. y Ramírez, P. G. (2010)** Bioconversion of carotenoids in five fruits and vegetables to vitamin A measured by retinol accumulation in rat livers. *American Journal of Agricultural and Biological Sciences*. 5:215-221
- Carvalho, R. F., M. L., Campos, L. E., Pino, S. L., Crestana, A., Zsögön, J. E. Lima, ... and L. EP. Peres. (2011)** Convergence of developmental mutants into a single tomato model system: 'Micro-Tom' as an effective toolkit for plant development research. *Plant Methods* 7: 18.
- Chávez-Servia, J. L., J. C., Carrillo-Rodríguez, A.M., Vera-Guzmán, E. Rodríguez-Guzmán, y R. Lobato-Ortiz (2011)** Utilización actual y potencial del jitomate silvestre mexicano. Subsistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la

Alimentación y la Agricultura (SINAREFI), Secretaria de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación, CIIDIR-Unidad Oaxaca del Instituto Politécnico Nacional e Instituto Tecnológico del Valle de Oaxaca. Oaxaca, México. 72 p.

Dueñas, F., Y. Martínez, M. Álvarez, C. Moya, B. Peteira, Y. Arias, M. J., Diez, P. Hanson y T. Shagarodsky (2008) Caracterización agromorfológica y evaluación de resistencia al *TYLCV* en nuevos genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) como apoyo al programa de mejoramiento genético de la hortaliza para la enfermedad. *Cultivos tropicales* 29: 53-60.

Estrada-Trejo, V., R., Lobato-Ortiz, G. García-de los Santos, G. Carrillo-Castañeda, F. Castillo-González, E. Contreras-Magaña, O. J. Ayala-Garay... A. Artola-Mercadal (2014) Diversidad de poblaciones nativas de jitomate para germinación en condiciones salinas. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 5: 1067-1079.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) (2010) The second report on the state of the world's plant genetic resources for food and agriculture. FAO (Ed.). Roma, Italia. 325 p.

FAO (Food and Agriculture Organization of the United Nations) and PAR (Platform for Agrobiodiversity Research) (2011) Biodiversity for food and agriculture. FAO (Ed.). Roma, Italia. 67 p.

FAOSTAT (Food and agriculture data). 2014. Consultado 08-11-2017 en <http://www.fao.org/faostat/en/#data>

Fernie, A. R., Y., Tadmor and D. Zamir (2006) Natural genetic variation for improving crop quality. *Current Opinion in Plant Biology* 9:196-202.

Florido, M., M. Álvarez, R. M., Lara., D. Plana, A. Caballero, R. Florido, T. Shagarodsky y C. Moya (2008) Análisis de la variabilidad morfoagronómica en la colección de tomate (*Solanum* L. sección *Lycopersicon* subsección *Lycopersicon*) conservada *ex situ* en cuba. *Cultivo Tropicales* 29: 43-48.

Franco, T. L. y R. Hidalgo (2003) Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. Boletín técnico no. 8, Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Cali, Colombia. 89 p.

Gepts, P. and J. Hancock (2006) The future of plant breeding. *Crop. Sci.* 46: 1630-1643.

- Hausmann G., B. I., H. K., Parzies, T., Presterl, Z., Susic and T. Miedaner (2004)** Plant genetic resources in crop improvement. *Plant Genetic Resources* 2: 3-21.
- Hernandez Bautista, A., R., Lobato-Ortiz., S., Cruz-Izquierdo, J. J., García-Zavala, J. L. Chávez-Servia, E., Hernández-Leal y O. Bonilla-Barrientos (2015)** Fruit size QTLs affect in a major proportion the yield in tomato. *Chilean Journal of Agricultural Research* 75: 402-409.
- IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute) (1996)** Descriptores para el tomate *Lycopersicon* spp. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (Ed.). Roma, Italia. 44 p.
- Knapp S. (2002)** *Solanum* section Germinata . The New York Botanical Garden Press (Ed) New York. USA. 405 p.
- Knapp, S. and I. E. Peralta (2016)** The tomato (*Solanum lycopersicum* L. Solanaceae) and its botanical relatives. *In: The Tomato Genome*. Causse, M., Giovannoni J., Bouzayen M. and M. Zouine (eds). Springer-Verlag (Ed.) Berlin. pp: 7-21.
- Liu, Y., T., Zhou, H., Ge, W., Pang, L., Gao, L. Ren and H. Chen (2016)** SSR mapping of QTLs conferring cold tolerance in a interspecific cross of tomato. *International Journal of Genomics* 26:3219276.
- Lobato O. R., E. Rodríguez G., J. C. Carrillo R., J. L. Chávez S., P. Sánchez P. y A. Aguilar M. (2012)** Exploración, colecta y conservación de recursos genéticos de jitomate: avances en la Red de Jitomate. Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura, Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación y Colegio de Postgraduados. Texcoco, México. 54 p.
- Lucatti A. F, F. RG., Meijer-Dekens, R., Mumm, R. G. F., Visser, B., Vosman and S. van Heusden (2014)** Normal adult survival but reduced *Bemisia tabaci* oviposition rate on tomato lines carrying an introgression from *S. habrochaites*. *BioMed Central Genetics* 15:142-153.
- Luna-Guevara M. L. y A. Delgado-Alvarado (2014)** Importancia, contribución y estabilidad de antioxidantes en frutos y productos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). *Avances en investigación Agropecuaria* 18: 51-66.

- Maldonado-Peralta R., P., Ramírez-Vallejo, V. A., González-Hernández, F., Castillo-González, M., Sandoval-Villa, M. Livera-Muñoz y N., Cruz-Huerta (2016)** Riqueza agronómica en colectas mexicanas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) nativos. *Agroproductividad* 9 (12): 68-75.
- Mangels, A. R.; Holden, J. M.; Beecher, G. R.; Forman, M. R. y Lanza, E. (1993)** Carotenoid contents of fruits and vegetables: an evaluation of analytical data. *Journal of the American Dietetic Association* 93: 284–96.
- Marín-Montes I. M., J. E., Rodríguez-Pérez, J., Sahagún-Castellanos, L., Hernández-Ibáñez and A. M. Velasco-García (2016)** Morphological and molecular variation in 55 native tomato collections from Mexico. *Revista Chapingo Serie Horticultura*. 22: 117-131.
- Martínez-Vázquez E. A., A., Hernández-Bautista, R., Lobato-Ortiz., J. J., García-Zavala y D. Reyes-López (2017)** Exploring the breeding potential of mexican tomato landraces. *Scientia Horticulturae* 220: 317-325.
- Mazzucato, A., R., Papa, E., Bitocchi, P. Mosconi, L. Nanni, V., Negri, M. E., Picarella, F., Siligato, G. P., Soressi, B., Tiranti and F. Veronesi (2008)** Genetic diversity, structure and marker-trait associations in a collection of Italian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Theoretical and Applied Genetics* 116: 657-669.
- Molina M., J. C. y L. Cordova T. (2006)** Recursos Fitogenéticos de México para la Alimentación y la Agricultura: Informe Nacional 2006. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación y Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C. Chapingo, México. 172p.
- Moose, S. P. and R. H. Mumm (2008)** Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. *Plant. Physiology* 147:969-977.
- Ntatsi G., D., Savvas, V., Papatziropoulos, A., Katsileros, R. M., Zrenner, D. K., Hinch, ... and D. Schwarz (2017)** Rootstock sub-optimal temperature tolerance determines transcriptomic responses after long-term root cooling in rootstocks and scions of grafted tomato plants. *Frontiers in Plant Science* 8:1-15.
- Notario-Medellín C. M. y M. E. Sosa-Morales (2012)** El jitomate (*Solanum lycopersicum*): aporte nutrimental, enfermedades, postcosecha y tecnologías para su almacenamiento en fresco. *Temas Selectos de Ingeniería de Alimentos* 6: 50-53.

- Pino, L. E. , S., Lombardi-Crestana, M. S., Azevedo, D. C., Scotton, L., Borgo, V., Quecini, ... and L. EP. Peres (2010)** The Rg1 allele as a valuable tool for genetic transformation of the tomato Micro-Tom model system. *Plant Methods* 6:23.
- Peralta, I. E. and D. M Spooner (2007)** History, origin and early cultivation of tomato (Solanaceae). *In: Genetic Improvement of Solanaceous crop: Tomato.* Razdan, M. K. and A. K Mattoo (eds). Science Publishers (Ed.) New Hampshire, USA. pp. 1-24.
- Pinacho-Hernández A., E., José-José, J. C. Carrillo-Rodríguez, Y. Villegas-Aparicio, J. L., Chávez-Servia y A. M. Vera-Guzmán (2011)** Heterosis interpoblacional de híbridos F₂ de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) nativo de Oaxaca, México. *Journal of the Internamerican Society Tropical Horticulture.* 55: 74-77.
- Poudyal, D., M., Akash, L., Khatri, D., Singh S. and R., Uptmoor (2017)** *Solanum habrochaites* introgression line grafted as rootstock in cultivated tomato maintains growth and improves yield under cold and drought stresses. *Journal of Crop Improvement* 31: 589-607.
- Poudyala, D., L., Khatria and R. Uptmoora (2015)** An introgression of *Solanum habrochaites* in the rootstock improves stomatal regulation and leaf area development of grafted tomatoes under drought and low root-zone-temperatures. *Advances in Crop Science and Technology* 3:175-185
- Pullaiah, T., B., Bahadur and K. V. Krishnamurty (2015)** Plant biodiversity. *In: Plant Biology and Biotechnology.* Bahadur, B., M. V., Rajam, L., Sahijram and K. V. Krishnamurty (eds).Springer (Ed.), India. pp: 177-195
- SIAP (Servicio de información agroalimentaria y pesquera) (2016)** Consultado 08-11-2017 en <https://www.gob.mx/siap/>
- Steward, A. J.; Bozonnet, S.; Mullen, W. y Jenkins, G. I. (2000)** Occurrence of flavonols in tomatoes and tomato-based products. *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 48:2663-2669
- Sol Genomics Network (SGN) (2017)** Consultada el 28-11-2017 en <http://solgenomics.net>
- The C. M Rick Tomato Genetics Resource Center.** Consultado 28-11-2017 en <http://tgrc.ucdavis.edu>
- Varshney, R. K., D. A., Hoisington, S. N., Nayak and A. Graner (2009)** Molecular plant breeding: methodology and achievements. *In: Plant Genomics* Somers, D. J.,

Langridge P. and J. P. Gustaf (eds). Humana press (Ed) New York, USA. pp: 283-304.

Vázquez-Ortiz R., J. C., Carrillo-Rodríguez y P. Ramírez-Vallejo (2010) Evaluación morfo-agronómica de una muestra del jitomate nativo del centro y sureste de México. *Naturaleza y Desarrollo* 8:49-64.

Villalobos, V.M and F. Engelman (1995) Ex situ conservation of plant germplasm using biotechnology. *World Journal of Microbiology & Biotechnology* 11:375-382.

Wolters A., A. M., M., Caro, S., Dong, R., Finkers, J., Gao, R. G. F., Visser, X., Wang,... and Y Bai (2015) Detection of an inversion in the *Ty-2* region between *S. lycopersicum* and *S. habrochaites* by a combination of de novo genome assembly and BAC cloning. *Theoretical and Applied Genetics* 128: 1987-1997.

Zane, L., L. Bargelloni and T. Patarnillo (2002) Strategies for microsatellite isolation: a review. *Molecular Ecology* 11:1-16.

Zhou, R., Z., Wu and F.L. Jiang (2015) Genetic diversity of cultivated and wild tomatoes revealed by morphological traits and SSR markers. *Genetics and Molecular Research* 14: 13868-13879.

CAPITULO I. RIQUEZA ALÉLICA DE POBLACIONES NATIVAS DE JITOMATE PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO

RESUMEN

El mejoramiento genético del jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) lo limita su base genética estrecha. Esta puede ampliarse con poblaciones nativas y silvestres, como fuente de alelos útiles, para incrementar el rendimiento, calidad, resistencia a factores bióticos y abióticos que generan estrés. Las colectas de jitomate nativo de México poseen mayor diversidad genética que el germoplasma élite; esto indica que se pueden seleccionar genotipos con características agronómicas, morfológicas y alélicas diferentes al germoplasma élite, por esto el objetivo para este estudio fue evaluar la diversidad genética de 26 accesiones de jitomate nativo de México, para identificar las promisorias para el mejoramiento genético. Las caracterizaciones fueron agro-morfológicas con 20 caracteres en un diseño experimental completamente al azar con tres repeticiones y molecular con marcadores SSR. Los análisis de componentes principales y de agrupamiento jerárquico permitieron identificar cuatro grupos con características sobresalientes en componentes del rendimiento, tamaño y calidad interna de fruto. Con los marcadores moleculares se calculó el índice de Shannon, índice de Nei y distancia genética de Roger a partir de la que generaron siete grupos, los cuales tuvieron coeficientes de endogamia y fijación cercanos a 1, esto indica la presencia de endogamia y diferencias amplias dentro de los grupos identificados. Con ambas caracterizaciones y distancia de Gower, se observó la separación de las especies *S. lycopersicum* L. y *S. pimpinellifolium* L. Los genotipos nativos de México poseen gran diversidad genética y variabilidad alélica que permite su uso en diferentes programas de mejoramiento genético para incorporar alelos para componentes de rendimiento, tamaño y calidad interna de fruto en el jitomate cultivado.

Palabras clave: Diversidad genética, marcadores moleculares, marcadores morfológicos, estructura genética, *S. lycopersicum* L., *S. pimpinellifolium* L.

ABSTRACT

The main problem of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) is its narrow genetic base which can be broadened by using tomato wild relatives and Mexican native tomatoes as a source of novel alleles, to improve fruit yield and resistance to biotic and abiotic factors that cause stress. Collections of Mexican tomatoes have greater genetic diversity than the elite germplasm; so we could select genotypes with morphological, agronomic traits and different alleles from those Mexican accessions. The objective for this study was to evaluate the genetic diversity of 26 accessions of Mexican native tomatoes, to identify genotypes for tomato breeding. The characterizations were phenotypic and molecular, the phenotypic one was carried out in a randomized experimental design with three replicates and 20 traits. The molecular characterization was done with SSR markers. Principal components analysis and hierarchical clustering allowed to identify four groups with outstanding traits in fruit yield components, size and fruit quality. With molecular markers we calculated Shannon index, Nei's index and Roger's genetic distance, from which seven groups were generated. These groups had inbreeding and fixing coefficients close to 1, this indicates the presence of inbreeding and broad differences within the identified groups. The separation of the species was observed with both characterizations and Gower's distance, *S. lycopersicum* L. and *S. pimpinellifolium* L. The Mexican native tomato populations possess great genetic diversity and allelic variability than can be used in different tomato breeding programs to incorporate new and novel alleles for fruit yield components, size and fruit quality into commercial tomato varieties.

Key words : Genetic diversity, morphological markers, molecular markers, genetic structure, *S. lycopersicum* L., *S. pimpinellifolium* L.

INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético vegetal es una ciencia multidisciplinaria aplicada. En ella se emplean diferentes áreas del conocimiento para la creación, selección y fijación de fenotipos en el desarrollo de cultivares mejores que se ajusten a las necesidades de productores y consumidores (Gepts y Hancock, 2006; Moose y Muhm, 2008). Los objetivos principales del mejoramiento genético se enfocan al incremento del rendimiento, calidad nutraceútica y caracteres de valor comercial (Moose y Muhm, 2008), y para cumplirlos se podrían usar diferentes alelos alternativos que se encuentran en los parientes silvestres y nativos de cada especie porque experimentaron diferentes procesos de evolución y domesticación a la par de las necesidades de la humanidad (Varshney *et al.*, 2009).

Las variedades comerciales o germoplasma élite perdieron variabilidad genética porque se sometieron a selección y mejoramiento, lo que causó una reducción severa de su base genética (Fernie *et al.*, 2006), por esto es importante establecer estrategias de conservación y uso de la variación genética natural existente. Para esto se realizaron evaluaciones agronómicas, morfológicas y moleculares en diferentes accesiones de jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) silvestre, nativo y cultivado, para identificar genotipos que sean fuente de alelos para el mejoramiento de la especie (Lobato *et al.*, 2012; Bonilla-Barrientos *et al.*, 2014; Flores-Hernández *et al.*, 2017). Para el jitomate nativo de México se propusieron diferentes formas de agrupación con base en diferentes caracteres morfológicos como tamaño de planta, forma, color, peso y tamaño de fruto, y número lóculos por fruto (Lobato *et al.*, 2012; Marín-Montes *et al.*, 2016).

El uso de marcadores moleculares del tipo microsatélites en jitomate permitió evaluar la diversidad y detectar alelos únicos en jitomate. Así Benor *et al.* (2008) detectaron 150 alelos en 35 *loci* de 39 líneas endogámicas de jitomate, lo que facilitó el diseño de cruza entre las líneas evaluadas. Zhou *et al.* (2015a) encontraron 52 alelos en 43 accesiones de jitomate (29 cultivados y 14 silvestres), y Zhou *et al.* (2015b) evaluaron 48 cultivares de jitomate de América, China y Europa en los cuales detectaron 54 alelos diferentes. Phan, *et al.* (2016) evaluaron 62 cultivares F1 de jitomate comercial y determinaron tres grupos con base en el tipo de crecimiento y forma de fruto.

Las colectas de jitomate nativo de México pueden poseer mayor diversidad genética que el germoplasma élite; esto permitiría seleccionar genotipos con características agronómicas,

morfológicas y alélicas diferentes al germoplasma élite, por esto el objetivo de esta investigación fue evaluar la diversidad genética y riqueza alélica de 26 accesiones de jitomate nativo de México, con marcadores moleculares microsátélites (SSR) y caracteres agronómicos y morfológicos, para seleccionar genotipos con caracteres sobresalientes y puedan usarse en programas de conservación y mejoramiento genético de jitomate.

MATERIALES Y MÉTODOS

El estudio se realizó en el Programa de Conservación y Mejoramiento de los Recursos Genéticos del Jitomate, del Colegio de Postgraduados, Montecillo, Estado de México.

Material vegetal

En este estudio 26 accesiones de jitomate se evaluaron; 16 originarias de Puebla (cinco de tipo riñón, dos del tipo calabaza, cinco tipo pimiento, dos tipo cereza y dos tipo ojo de venado), cinco accesiones de Oaxaca (cuatro tipo riñón y una tipo ojo de venado), y cinco accesiones de Veracruz (tres tipo cereza y dos tipo ojo de venado). Dos variedades comerciales: el híbrido SUN7705 (Nunhems[®], Israel), un jitomate cereza (Rancho Molinos[®], México) y la accesión LA11904 (*S. pimpinellifolium* L.) se emplearon como testigos.

Caracterización agro morfológica

La caracterización agro-morfológica se realizó en el año 2016 en condiciones de invernadero con sistema de producción hidropónico. Los genotipos se establecieron en un diseño experimental completamente al azar con tres repeticiones, la unidad experimental consistió de ocho plantas, con dos plantas por bolsa. La siembra se realizó el 12 de marzo de 2016 en charolas de poliestireno de 200 cavidades que se llenaron con peat moss (Kekkila[®], Finlandia) como sustrato. El trasplante se realizó 35 días después de la siembra.

Las plantas se establecieron en bolsas negras de polietileno (12 L), con arena volcánica como sustrato y solución nutritiva Steiner (1984) con pH de cinco. Las plantas se condujeron a un tallo principal, estas se despuntaron 90 días después de trasplante. Se empleó Imidacloprid y 50 Lambdacihalotrina + 100 Clorantraniliprole para el control de *Bemisia tabaci Gennadius*; carboxamida, Metalaxil-M + Clorotalonil para controlar *Phytophthora infestans* y azoxistrobina para el control de *Alternaria solani*.

La caracterización agro-morfológica empleó 20 caracteres cuantitativos sugeridos por IPGRI (1996). Los caracteres fueron: días a floración del primer racimo después de trasplante

(DF1), días a maduración del primer racimo después de trasplante (DM), número de flores del tercer racimo (NFL3), número total de racimos (NRT), número total de hojas (NH), número de frutos del tercer racimo (NFR3), número total de frutos por planta (NTF) y número de lóculos por fruto (NL). Las variables altura al primer racimo (AR1), distancia entre el tercer y cuarto racimo (DR), longitud de hoja del tercer racimo (LH) y longitud del tercer racimo (LR) se registraron en cm y altura de planta (AP) en m, se empleó un flexómetro (TRUPER[®], FH-3M, China). El diámetro de tallo (DT) se registró en cm con un calibrador digital de 6, milimétrico y estándar (TRUPER[®], CALDI-6MP, México). El peso promedio de fruto (PPF) se registró en g y el rendimiento total por planta (PT) se evaluó en kg con una balanza digital (Ohaus[®], SP2001, México). Las variables diámetro ecuatorial de fruto (DE), diámetro polar de fruto (DP) se midieron en cm con el calibrador digital antes descrito. Sólidos solubles totales (B) se evaluaron con un refractómetro digital (ATAGO[®], PAL-1, Japón) que tienen un rango de 0.0 a 53 ° Brix. Firmeza de fruto (F) se midió en newtons (N) con un texturómetro (Stable Micro Systems[®], TA.XT2i, Reino Unido) con punta cilíndrica de 0.2 mm, a una distancia de penetración de 2 mm. Los caracteres de fruto, excepto PF, se evaluaron en cinco frutos de cada planta de la unidad experimental.

Caracterización molecular

El tejido vegetal fresco que se empleó se cosechó de 10 plántulas con 20 días después de siembra, estas se obtuvieron de semilla cosechada por el método de selección masal durante la caracterización agro-morfológica.

La extracción de ADN se llevó a cabo por el método de CTAB modificado por Bernatzky y Tanksley (1986). La concentración de ADN ($\text{ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$) y calidad 260/280 se determinaron con espectrofotómetro “NanoDrop 2000” (Thermo Fisher Scientific[®], Estados Unidos de América). La dilución de trabajo de cada genotipo se realizó a una concentración final de $10 \text{ ng} \cdot \mu\text{L}^{-1}$.

La reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se realizó para 18 pares de iniciadores tipo microsatélite (Cuadro 1). La reacción de PCR (“master mix”) tuvo un volumen final de 675 μL , de estos, 455.7 μL fueron de agua grado biología molecular (SIGMA[®], EUA), 124 μL de buffer de reacción 10 x (Invitrogen[®], Brasil), 37.2 μL de MgCl_2 (Invitrogen[®], Brasil) 12.4 μL de dNTP’s (SIGMA[®], EUA), 31 μL del iniciador Forward (Invitrogen[®], Brasil), 31 μL del iniciador Reverse (Invitrogen[®], Brasil) y 6.2 μL de Taq polimerasa (Thermo Fisher

Scientific[®], EUA). A cada muestra de ADN (3.5 µL) se agregaron 22.5 µL de master mix, para un total de 26 µL de master mix, esta presentó concentración final de 1.6 x para el buffer de reacción, 2.4 µL de MgCl₂, 0.04 µL de dNTP's, 0.4 µL de iniciador Forward, 0.4 µL de iniciador reverse, una unidad de Taq polimerasa y 35 ng de ADN.

La amplificación se llevó a cabo en un termociclador Gene Amp[®] PCR System 9700 (Applied Biosystem, Singapur). Se empleó el siguiente programa de PCR: un ciclo de desnaturalización a 94 ° C por un minuto; siete ciclos de tres pasos, el primer paso a 94 ° C por un minuto, seguido de 60 segundos a Y ° C (Y=T_m + 4 ° C), en cada ciclo Y disminuyó 1 ° C y el tercer paso a 72 ° C por un minuto. Posteriormente se realizaron 35 ciclos de tres pasos: el primer paso a 94 ° C por un minuto, posteriormente 60 segundos a T_m (Cuadro 1.1) y finalmente un minuto a 72 ° C. Por último, un ciclo de extensión de cinco minutos a 72 ° C y finalmente la muestra se enfrió a 4 ° C. El patrón de bandeo se obtuvo por electroforesis vertical (MG33-1063, C.B.S. Scientific[®], EUA).

Se emplearon geles de acrilamida al 8 % (CIMMYT, 2006) y la separación de fragmentos en iniciadores de menor peso molecular (100 - 200 pares de bases (pb)) se llevó a cabo durante 100 minutos a 250 volts. Para iniciadores con peso molecular mayor a 200 pb la separación de fragmentos se llevó a cabo durante 150 minutos a 300 volts. El revelado se hizo con AgNO₃ (SIGMA[®], EUA) bajo la metodología de CIMMYT (2006). Los geles se fotodocumentaron con el transluminador MiniBis Pro 16 mm (Bio Imaging Systems[®], Israel).

Análisis estadístico

Caracterización agro morfológica

Se realizó la prueba de Kaiser (1974) con el paquete psych versión 1.7.8. Después se realizó análisis de componentes principales (Jolliffe, 2002) con el paquete Stats 3.5.0 para eliminar colinealidad estadística y seleccionar las variables de mayor varianza explicativa para los componentes principales seleccionados mediante la metodología propuesta por Hair *et al.* (1999), estas variables fueron usadas para el análisis de agrupamiento jerárquico.

La matriz de distancias euclidianas se calculó con el paquete factoextra 1.0.5, esta se empleó para realizar el método de agrupamiento de pares con la media aritmética no ponderada (UPGMA) con el procedimiento hclust del paquete Stats 3.5.0. La altura de corte para el dendrograma se decidió con el paquete estadístico Nbclust 3.0 (Charrad *et al.*, 2014). La validez del método de agrupamiento se comprobó con la prueba de Sokal y Rohlf (1962)

Cuadro 1. 1. Microsatélites empleados en la evaluación molecular

<i>Loci</i>	Motif	Cr ^{¶¶}	PM ^{¶¶}	Tm ^{¶¶}
SSR42	CTT (6)	1	182	50
SSR65	AG (5) TG (7)	1	230	50
SSR316	AG (6) TTGCAG (2)	1	215	45
SSR5	CAA (6)	2	196	60
SSR32	TTC (7)	2	186	60
SRR601	ATA (9)	3	166	60
SSR111	TC (6) TCTG (6)	3	188	50
SSR320	AT (12)	3	171	50
SSR146	AT (7) CAT (5)	4	243	60
TOM210	ATA (15)	4	218	54
SSR296	AT (10)	4	170	56
SSR306	ATT (7)	4	258	54
SSR128	CAG (6) CAA (3)GAG (7)	6	123	56
SSR276	ATG (7) ATT (7)	7	148	50
SSR286	CAG (8)	7	107	56
SSR327	AAT (7)	8	149	50
SSR248	TA (21)	10	249	50
TOM144	TAT (15) TGT (4)	11	144	54

¶¶Cr = cromosoma. ¶¶ PM = peso molecular (pb) ¶¶ Tm= temperatura de alineamiento (° C).

con el paquete graphics 3.4.1. Los paquetes antes mencionados se ejecutaron en el software R 3.4.1. Posterior al análisis de agrupamiento se realizó un análisis de varianza combinado y comparación de medias por el método de Tukey (p=0.05) para las variables de mayor interés del programa de conservación y mejoramiento antes mencionado, estos análisis se realizaron con el software SAS 9.0.

Caracterización molecular

Los alelos se determinaron con base a su peso molecular, para esto se empleó el software Gel Quant Express. Se realizaron diferentes tipos de análisis exploratorios y aplicados para

cada marcador y población. Los análisis exploratorios fueron: número de *loci* polimórficos (NLP), número de alelos observados (NAO), número promedio de alelos por locus (NPA) y contenido de información polimórfica (PIC), este último se calculó con la fórmula propuesta por Weir (1996). Los análisis aplicados fueron: heterocigosidad observada (HO), heterocigosidad esperada (HE), número efectivo de alelos (NEA), índice de Shannon (IS), distancia genética de Rogers (DGR), índice de Nei (NEI) y análisis de agrupamiento por el método UPGMA. El número de grupos se determinó con la estadística de gap (Tibshirani *et al.*, 2001) mediante el paquete cluster 2.0.6 del software R.3.4.1.

Posterior al análisis de agrupamiento, los análisis antes mencionados y el coeficiente de endogamia (F_{IS}) e índice de fijación (F_{ST}) se realizaron para los grupos identificados en la caracterización molecular. Las variables NLP, NAO, HE, HO, NEA, IS, NEI, F_{IS} y F_{ST} se calcularon con el software POPGEN 1.32; la matriz de DGR y dendrograma se realizaron con el software NTSYS 2.1.

Evaluación conjunta

La correlación entre la matriz de distancias de ambas caracterizaciones se calculó mediante la prueba de Mantel (1967) con 999 permutaciones y significancia de 0.001 mediante el paquete Vegan 2.4.4. La distancia de Gower (1971) se empleó para analizar la matriz conjunta de datos agro-morfológicos y moleculares, esta distancia se calculó con el paquete FD 1.0-12. El dendrograma conjunto se generó con el método UPGMA y distancia de Gower mediante el paquete Stats 3.5.0. El número de grupos se decidió con la prueba Silhouette (Kaufman y Rousseuw, 1990) con el paquete Cluster 3.0 del software R 3.4.1.

RESULTADOS

Caracterización morfológica

La matriz morfológica presentó un coeficiente de 0.76 para la prueba de Kaiser (1974), porque cumple los requerimientos para análisis de componentes principales. Para el análisis de componentes principales se eligieron los tres primeros componentes con valores propios de 3.27, 1.79 y 1.54, y explicación de la variación fenotípica de 53.5 %, 16.1 % y 11.9 %, para cada componente.

El primer componente se asoció a DP y DF en forma negativa y NH en forma positiva. El segundo componente presentó correlación negativa para LR, DR y NL. El tercer componente se explicó por NFL3, NFR3 y NTF en forma negativa y AP en manera positiva. La variación

fenotípica total de jitomates cultivados, silvestres y líneas de introgresión (Zhou *et al.*, 2015) y jitomates silvestres y semidomesticados (Carrillo y Chávez, 2010) se explicó en 78.54 % y 86.25 % a partir de tres componentes principales asociados con características de hoja, tamaño de planta, floración, madurez de frutos, número de frutos, asimismo el presente estudio presentó valores y asociaciones similares para las evaluaciones antes mencionadas. La dispersión de genotipos (Figura 1) permitió separar *S. pimpinellifolium* L. del resto de los genotipos de *S. lycopersicum* L.; así, Álvarez *et al.* (2001) determinaron que ambas especies están relacionadas; en cambio, el dendrograma agro-morfológico (Figura 2) permitió identificar cuatro grupos partir de caracteres de mayor correlación para los tres componentes seleccionados. El dendrograma presentó un coeficiente cofenético de 0.92 para la prueba de Sokal y Rohlf (1962), lo que indicó que los grupos identificados permiten determinar la similitud de la agrupación entre los genotipos evaluados (Odong *et al.*, 2011).

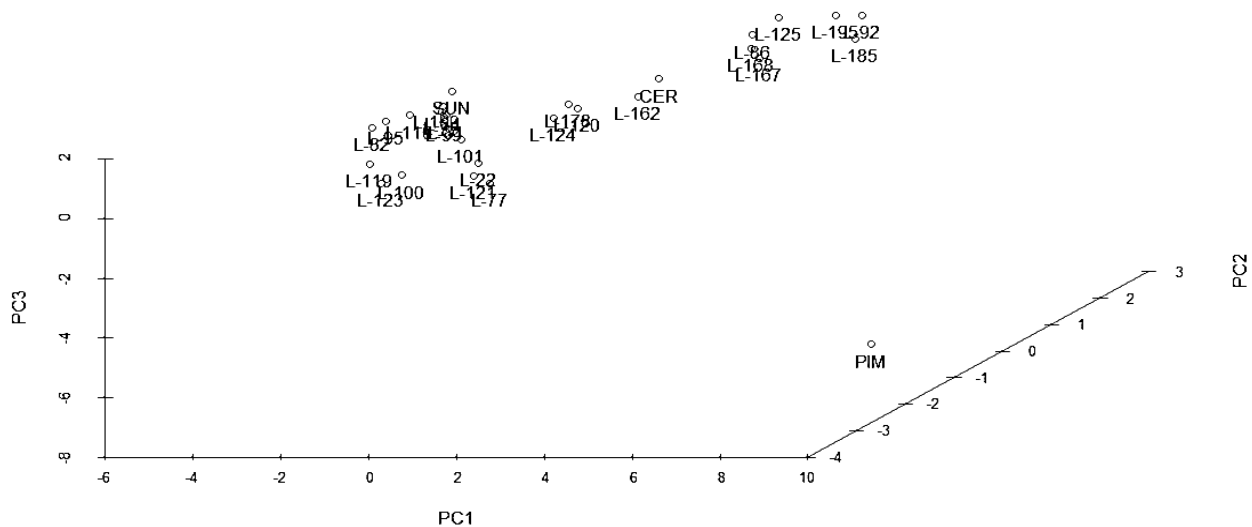


Figura 1. Distribución de los genotipos con base a tres componentes principales

El grupo I se formó por *S. pimpinellifolium* L. y los tres restantes (II, III y IV) se integraron por genotipos de *S. lycopersicum* L. Así Marín-Montes *et al.* (2016) identificaron tres grupos de jitomates nativos de México con base a caracteres morfológicos de hoja, flores, tallo y fruto.

El grupo I se caracterizó por plantas pequeñas (1.75 m), muy precoces a floración (17 días), con mayor número hojas (44.92 hojas), racimos largos (50.08 cm), mayor longitud entre racimos (11.23 cm), presentó 87.5 flores, 35.41 frutos al tercer racimo y 514.33 frutos totales. Sus frutos fueron redondos con 1.10 cm de diámetro polar y dos lóculos. Asimismo,

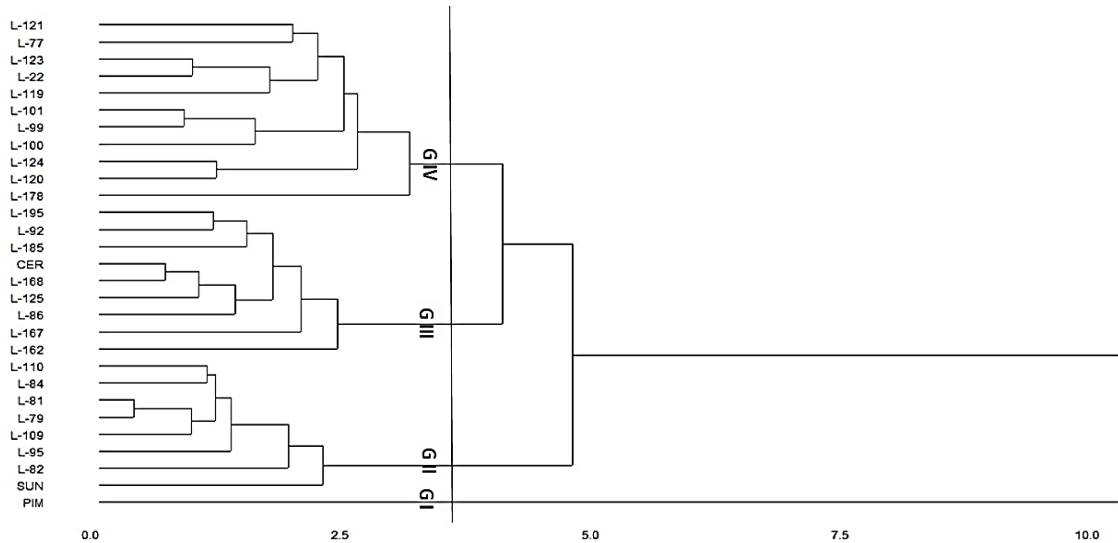


Figura 2. Dendrograma jerárquico obtenido mediante distancias Euclidianas de nueve caracteres morfológicos de mayor correlación en el análisis de componentes principales

Rodríguez *et al.* (2006) reportaron plantas de 1.6 m de altura con frutos redondos de 0.9 cm en líneas endogámicas derivadas de *S. lycopersicum* L. x *S. pimpinellifolium* L, también Flores-Hernández *et al.* (2017) encontraron que *S. pimpinellifolium* L. presentó 14 días a floración, con frutos redondos de 1.3cm de diámetro polar.

El grupo II presentó plantas tardías a floración (32.6 días), de porte medio (1.91 m), con pocas hojas (28.83 hojas), racimos de longitud media (19.47 cm), 8.03 flores al tercer racimo y 27.41 cm de distancia entre racimos. Las plantas presentaron menor cantidad de frutos al tercer racimo (5.57 frutos) lo que generó menor cantidad de frutos en total (31.95 frutos). Sus frutos fueron de forma saladette y pimiento con 6.39 cm de diámetro polar y 3.67 lóculos. Bonilla-Barrientos *et al.* (2014), determinaron un grupo específico para colectas con frutos tipo pimiento con características similares a las observadas en este estudio.

El grupo III presentó plantas altas (2.34 m), 21.33 días a floración, con muchas hojas (38.08 hojas), con 20.12 cm de distancia entre racimos, racimos cortos (23.17), con promedios de 9.76 flores y 7.74 frutos al tercer racimo, esto generó 92.55 frutos en total. Sus frutos fueron de forma cereza y ojo de venado con 2.25 cm de diámetro polar y 2.2 lóculos. Así Álvarez *et al.* (2009) reportaron valores similares para el grupo III en diámetro polar (1.05 a 2.2 cm), número de lóculos por fruto (2 a 2.8 lóculos) para poblaciones silvestres de *S. lycopersicum* L.(var. *cerasiforme*). Carrillo y Chávez (2010) encontraron variaciones similares en tamaño de fruto (2 cm) y racimo con 7 flores en poblaciones silvestres y

semidomesticadas de jitomate cereza, esto sugiere que los genotipos tipo cereza poseen amplia diversidad morfológica debido a su proceso de evolución.

Las plantas del grupo IV fueron altas (2.67 m), con floración tardía (32.6 días), 34.62 hojas y 30.56 cm de distancia entre racimos. Sus racimos fueron largos (40.66 cm), con 18.68 flores, 10.47 frutos al tercer racimo y 81.7 frutos en total por planta. Sus frutos tipo riñón fueron de 3.14 cm de diámetro polar y 9.56 lóculos. Así, Vázquez-Ortiz *et al.* (2010) establecieron un grupo para jitomates tipo riñón con variación de valores de 27 a 34 para días a floración, 28 a 36 frutos por planta, 2.2 a 3.6 cm para diámetro polar de frutos y 4 a 7 lóculos por fruto.

Análisis de varianza

El análisis de varianza combinado detectó diferencias significativas ($p < 0.05$) entre grupos para todas las variables evaluadas (datos nos mostrados); en cambio, en el análisis dentro de grupos (datos nos mostrados) el grupo IV presentó significancia para 20 variables evaluadas, el grupo III no presentó significancia para DF; en contraste, el grupo II no presentó diferencias significativas para NFL3, PT, B, DR y DT.

Para componentes de rendimiento, el grupo I presento valores superiores con diferencias significativas en NFL3 (87.5 flores), NRT (13.42 racimos), NFR3 (35.41 frutos) y NTF (514.33 frutos). Esto indicó que LA11904 puede ampliar la base genética del germoplasma en programas de mejoramiento de jitomate que busquen incrementar estos componentes del rendimiento. Rodríguez *et al.* (2006) encontraron que *S. pimpinellifolium* L. modificó el número de flores y frutos, porque las líneas obtenidas se asemejan al progenitor silvestre.

El GII fue superior y significativo para DP (6.39 cm), DE (5.74 cm), PPF (83.14 g) y PT (2.57 kg). Las accesiones L-110 y L-82 fueron sobresalientes para estos caracteres, estas podrían incrementar el tamaño de fruto. Estos caracteres del fruto se podrían modificar mediante hibridación entre genotipos con mayor distancia genética. Esto se demostró al cruzar jitomates nativos y líneas derivadas de variedades comerciales (Gul *et al.*, 2010; Martínez-Vázquez *et al.*, 2016), o bien al emplear solo progenitores nativos (Pinacho-Hernández *et al.*, 2011).

En sólidos solubles totales, el grupo I podría incrementar la variabilidad de este carácter para mejorar la calidad interna de fruto. Se demostró que *S. pimpinellifolium* L. incrementó de 1.6 a 4 ° brix en frutos de jitomate (Rodríguez *et al.*, 2006; Hernández-Bautista *et al.*, 2014; Parra-Gómez *et al.*, 2016).

LA11904 fue el genotipo más precoz para florecer (17 días) y madurar (74.42 días), en cambio si el objetivo del mejorador son plantas tardías, el grupo II presentó más días para florecer (32.66 días) y madurar (91.16 días). Esta característica se debe elegir con cautela porque los genotipos demostraron una correlación negativa entre precocidad y tamaño de fruto (Martínez-Vásquez *et al.*, 2017), por esto se podrían seleccionar genotipos con características deseables tanto para tamaño de fruto y precocidad.

Para DT, el genotipo L-95 del grupo II presentó un diámetro de tallo (2.08 cm) superior al resto de genotipos, esto indicó que podría emplearse la formación de portainjertos, porque se demostró que el uso de jitomates nativos como portainjertos permitió incrementar la producción (Velasco-Alvarado *et al.*, 2017).

Caracterización molecular

Análisis exploratorios en marcadores

Los 18 marcadores moleculares empleados fueron polimórficos y generaron 93 alelos con 5.2 alelos en promedio por marcador, el marcador de mayor número de alelos fue SSR 276 (8 alelos); en contraste, SSR 286 identificó solo 3 alelos. Esto indicó que el jitomate nativo presentó mayor riqueza alélica, así Zhou *et al.* (2015) y Zhou *et al.* (2015b) reportaron 4 y 3.6 alelos por marcador para jitomates cultivados y silvestres.

El valor promedio para PIC fue 0.63, con un intervalo de 0.18 (SSR296) a 0.89 (SSR320), esto indicó que los marcadores empleados fueron de valor informativo alto. Asimismo se reportaron valores similares para microsatélites en jitomates nativos, silvestres y variedades comerciales, en un rango de 0.35 a 0.62 (Kwon *et al.*, 2009 Zhou *et al.*, 2015; Zhou *et al.*, 2015b; Phan, *et al.*, 2016).

Análisis individual

Las poblaciones presentaron 19 alelos en promedio, con un rango de 18 (CER, L-109, L-185, L-124 y L-123) a 23 alelos (L-86). En promedio, HE fue 0.05, donde las CER, L-109, L-185, L-124 y L-123 presentaron de HE igual a 0 y L-86 presentó 0.28 para HE. Para HO se observó un promedio de 0.05, con un mínimo de 0 (CER, L-109, L-185, L-124 y L-123) y máximo de 0.2778 (L-86), esto sugirió que las poblaciones fueron casi homocigóticas.

La cantidad de LP fue 1 *loci* por población, con un mínimo de 0 LP (CER, L-109, L-185, L-124 y L-123) y máximo de 5 LP (L-86). El IS presentó en promedio 0.04, su rango estuvo

entre 0 (CER, L-109, L-185, L-124 y L-123) y 0.1925 (L-86), lo que indicó diversidad mínima entre genotipos; NEI presentó 0.03 en promedio, con un rango de 0 (CER, L-109, L-185, L-124 y L-123) a 0.14 (L-86). Esto indicó que la población con mayor diversidad fue L-86, en cambio CER, L-109, L-185, L-124 y L-123 fueron las poblaciones con menor diversidad entre individuos de cada población.

Análisis de agrupamiento

La DGR varió de 0.06 (L-82 y L84) a 0.99 (PIM y L-109) con un promedio de 0.60, este fue superior al reportado para jitomates cultivados y silvestres (Zhou *et al.*, 2015; Zhou *et al.*, 2015 b), esto indicó que la variabilidad fue similar a la distancia entre parientes silvestres y jitomate cultivado, pero fue mayor para accesiones *S. lycopersicum* reportada por Tam *et al.* (2005).

El dendrograma molecular (Figura 3) permitió identificar 9 grupos a una altura de corte de 0.45.

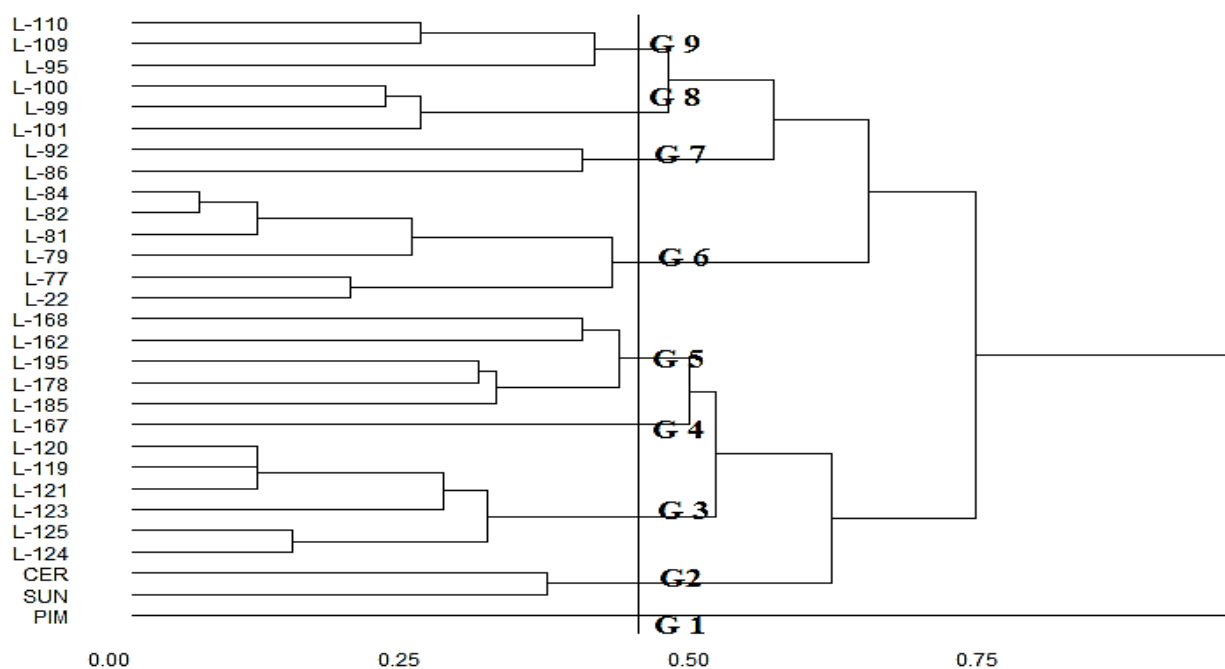


Figura 3. Dendrograma molecular obtenido con la distancia genética de Rogers empleando 93 alelos identificados

El grupo 1 se formó por el genotipo LA11904. El grupo 2 integró los testigos SUN7705 y jitomate cereza. El grupo 3 agrupó seis genotipos originarios de Puebla: L-125, L-124, L-123, L-121, L-120 y L-119, de estos un genotipo presentó frutos tipo cereza y el resto mostró

frutos tipo riñón pequeño. El grupo 4 se formó con la accesión L-167 proveniente de Veracruz, con forma de fruto tipo cereza. El grupo 5 se conformó por L-185, L-195, L-178 y L-168 originarias de Veracruz y L-162 proveniente de Oaxaca; este grupo presentó frutos tipo ojo de venado y cereza. El grupo 6 integró seis genotipos, L-22 originario de Oaxaca y L-77, L-79, L-81, L-82 y L-84 procedentes de Puebla; tres accesiones mostraron frutos tipo chino criollo, dos fueron tipo riñón grande y una del tipo calabaza. El grupo 7 integró los genotipos L-92 y L-86, originarios de Puebla, con frutos tipo cereza y ojo de venado. El grupo 8 se formó por L-101, L-100, L-99 originarias de Oaxaca con frutos tipo riñón. El grupo 9 integró los genotipos L-110, L-109, L-95 provenientes de Puebla, con fruto tipo calabaza y cuadrado. Los grupos descritos presentaron diferentes orígenes dentro de los grupos, lo que indicó que a pesar de la distancia geográfica entre genotipos compartieron alelos diferentes. Así, Zhou *et al.* (2015b) observaron esta tendencia de agrupación en jitomates cultivado y silvestre de América, Europa y Asia.

El grupo con diversidad más amplia fue el 5 porque presentó 14 *loci* polimórficos y 0.58 para IS y 0.36 para NEI. Los grupos con diversidad mínima fueron 1 y 4, porque presentaron un *loci*, polimórfico, 0.04 para IS y 0.04 para NEI. Zhou *et al.* (2015b) reportaron valores superiores, porque evaluaron genotipos del continente americano, lo que generó mayor diversidad.

El coeficiente de endogamia (F_{IS}) presentó un valor promedio de 0.77, con un mínimo de 0.27 (grupo 7) y máximo de 0.87 (grupo 5), esto indicó que el grupo 8 presentó más poblaciones heterocigóticas en comparación a los grupos restantes, por esto se infirió que la selección favorecería la presencia de individuos homocigotos. Tam *et al.* (2005) reportaron un coeficiente de endogamia similar para *S. lycopersicum*; en cambio, Albrecht *et al.* (2010) reportaron F_{IS} cercano a cero para *S. lycopersicoides* debido al tipo de polinización característica de la especie.

El índice de fijación (F_{ST}) presentó 0.68 en promedio, con un rango de 0.67 (grupo 7) a 0.94 (grupo 2), lo que indicó que las poblaciones evaluadas fueron muy diferentes entre sí debido a la autopolinización. Las poblaciones del grupo 2 fueron muy diferentes entre sí debido a su origen comercial y procesos de mejoramiento al que fueron expuestas. Las poblaciones del grupo 7 fueron uniformes debido a su lugar de origen y manejo. Para

parientes silvestre del jitomate con polinización cruzada por la autoincompatibilidad se reportaron valores inferiores (Arunyawat *et al.*, 2007; Städler *et al.*, 2007).

Evaluación conjunta

El coeficiente para la prueba de Mantel (1967) fue 0.4482, lo que representó correlación baja para ambas caracterizaciones. Asimismo se reportó un rango de 0.12 a 0.66 para caracterizaciones morfológicas con moleculares en jitomate nativo, silvestre y cultivado (Mazzuzato *et al.*, 2008; Kwon *et al.*, 2009; Yong-Sham *et al.*, 2009; Zhou *et al.*, 2015). Por esto, la información aportada por la caracterización agro-morfológica y molecular es diferente y explicaron de manera diferente la diversidad entre accesiones.

Para el análisis de agrupamiento se identificaron dos grupos en el dendrograma (Figura 4). La accesión LA11904 (*S. pimpinellifolium* L.) formó el grupo A. El grupo B se integró por el resto de genotipos.

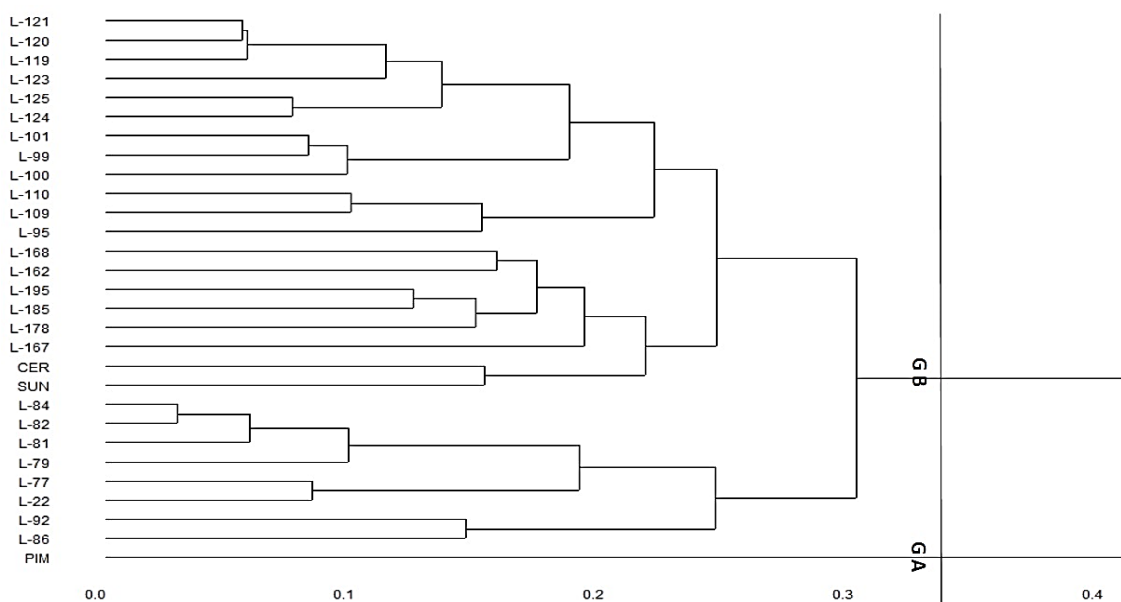


Figura 4. Dendrograma conjunto obtenido con distancia de Gower en nueve caracteres agro morfológicos y 93 alelos.

La agrupación conjunta indicó que *S. pimpinellifolium* L. mostraron variantes alélicas diferentes al germoplasma nativo de México. Los genotipos de *S. lycopersicum* L. presentaron caracteres de rendimiento, tamaño, forma y calidad interna de fruto características fenotípicas y genotípicas similares que no permitieron la diferenciación entre genotipos de *S. lycopersicum*, esto sugirió que son estudios complementarios para analizar la diversidad genética entre poblaciones. La separación entre especies fue similar a la obtenida

para diferentes estudios, donde reportaron la diferenciación entre ambas especies, lo que sugirió la existencia de variantes alélicas novedosas al germoplasma nativo de México (Álvarez *et al.*, 2001; Nuez *et al.*, 2004).

CONCLUSIONES

La accesión LA11904 sobresalió por sus componentes de rendimiento y precocidad. L-110 y L-82 destacaron por el tamaño de sus frutos, y L-95 por su mayor diámetro de tallo.

Los patrones de agrupamiento de la diversidad genética podrían permitir establecer estrategias de uso de las variantes agronómicas y morfológicas del germoplasma nativo en programas de mejoramiento genético de jitomate.

Los genotipos de jitomate nativo de México presentaron gran riqueza alélica que puede ampliar y modificar la base genética del jitomate.

Las evaluaciones morfológicas y moleculares fueron estudios complementarios que explicaron de mejor manera la diversidad existente en jitomates nativos.

LITERATURA CITADA

- Álvarez, A. E., C. C. M., van de Wiel, M. J. M., Smulders and B. Vosman. 2001. Use of microsatellites to evaluate genetic diversity and species relationships in the genus *Lycopersicon*. *Theor. Appl. Genet.* 103:1283-1292.
- Álvarez-Hernández J. C., H., Cortés-Madrugal, e I. García-Ruíz. 2009. Exploración y caracterización de poblaciones silvestres de jitomate (*Solanaceae*) en tres regiones de Michoacán, México. *Polibotánica* 28: 139-159.
- Albrecht, E., M., Escobar and R. T. Chetelat. 2010. Genetic diversity and population structure in the tomato-like nighshades *Solanum lycopersicoides* and *S. sitiens*. *Annals of botany* 105: 535-554.
- Arunyawat, U. W., Stephan and T. Städler. 2007. Using multilocus sequence data to assess population structure, natural selection, and linkage disequilibrium in wild tomatoes. *Mol. Biol. Evol.* 24: 2310-2322.
- Benor, S., M., Zhang, Z. Wang and H. Zhang. 2008. Assessment of genetic variation in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) inbred lines using SSR molecular markers. *J. Genet. Genomics* 35: 373-379.
- Bernatzky, R. and S. D. Tanksley. 1986. Methods for detection of single or low copy sequences in tomato on southern blots. *Plant. Mol. Biol. Report* 4: 37-41.

- Bonilla-Barrientos O., R., Lobato-Ortiz., J. J., García-Zavala, S., Cruz-Izquierdo, D., Reyes-López, E. Hernández-Leal y A., Hernández-Bautista. 2014. Diversidad agronómica y morfológica de tomates arriñonados y tipo pimiento de uso local en Puebla y Oaxaca, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 37: 129-139.
- Carrillo J. R. y J. L. Chávez S. 2010. Caracterización agromorfológica de muestras de tomate de Oaxaca. *Rev. Fitotec. Mex.* 33: 1-6.
- CIMMYT (Centro de Mejoramiento de Maíz y Trigo). 2006. Protocolos de laboratorio: laboratorio de genética molecular aplicada del CIMMYT. Tercera edición. CIMMYT (Ed.). D.F. México. 92 p.
- Charrad M., N., Ghazzali, V., Boiteau and A., Niknafs. 2014. Nbclust: An R package for determining the relevant number of clusters in a data set. *Journal of statistical software* 61: 1-36.
- Fernie, A. R., Y., Tadmor and D. Zamir. 2006. Natural genetic variation for improving crop quality. *Curr. Opin. Plant. Biol.* 9: 196-202.
- Flores-Hernández L. A., R., Lobato-Ortiz., J. J., García-Zavala, J. D., Molina-Galán, D. M., Sangerman-Jarquín y M. de J. Velasco-Alvarado. 2017. Parientes silvestres del tomate como fuente de germoplasma para el mejoramiento genético de la especie. *Rev. Fitotec. Mex.* 40: 83-91.
- Gepts, P. and J. Hancock. 2006. The future of plant breeding. *Crop. Sci.* 46: 1630-1643.
- Gower J. C. 1971. A general coefficient of similitary and some of its properties. *Biometrics* 27: 857-874.
- Gul, R., H., Ur-Rahman, I., Hussain K., S. M., Ali S. and A. Ghafoor. 2010. Heterosis for flower and fruit in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Afri. J. Biotechnol* 9: 4144-4151.
- Hair, J. F., J. R., Anderson, R. E., Tatham, R. L. and W. C. Black. 1999. Análisis multivariante. Quinta edición. Prentice Hall (Ed.) Iberia, Madrid. pp 79-140.
- Hernández-Bautista, A., R., Lobato-Ortiz., S., Cruz-Izquierdo, J. J., García-Zavala y J. L. Chávez-Servia. 2014. Variación fenotípica, heterosis y heredabilidad de una cruce interespecífica de jitomate. *Interciencia* 39: 327-332.

- IPGRI (International Plant Genetic Resources Institute). 1996. Descriptores para el tomate *Lycopersicon* spp. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (Ed.). Roma, Italia. 44 p.
- Jolliffe I. T. 2002. Principal component analysis. Segunda edición. Springer-Verlag (Ed.). New York. 478 p.
- Kaufman L. and P. J. Rousseeuw. 1990. Finding groups in data: an introduction to cluster analysis. John Wiley & Sons Inc (Ed.). Hoboken, New Jersey. 335.
- Kayser H. 1974. An index of factor simplicity. *Psychometrika* 39:31-36.
- Kwon, Y. S, S. G., Park, and S. I. Yi. 2009. Assessment of genetic variation among commercial tomato (*Solanum lycopersicum* L.) varieties using SSR markers and morphological characteristics. *Genes & Genomics* 31: 1-10.
- Lobato O. R., E. Rodríguez G., J. C. Carrillo R., J. L. Chávez S., P. Sánchez P. y A. Aguilar M. 2012. Exploración, colecta y conservación de recursos genéticos de jitomate: avances en la Red de Jitomate. Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura, Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación y Colegio de Postgraduados. Texcoco, México. 54 p.
- Mantel N. 1967. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*. 27: 209-220.
- Marín-Montes I. M., J. E., Rodríguez-Pérez, J., Sahagún-Castellanos, L., Hernández-Ibáñez and A. M. Velasco-García. 2016. Morphological and molecular variation in 55 native tomato collections from Mexico. *Rev. Chapingo Ser. Hortic.* 22: 117-131.
- Martínez-Vázquez E. A., A., Hernández-Bautista, R., Lobato-Ortiz., J. J., García-Zavala y D. Reyes-López. 2017. Exploring the breeding potential of mexican tomato landraces. *Scientia Horticulturae* 220: 317-325.
- Martínez-Vázquez E. A., R., Lobato-Ortiz., J. J., García-Zavala y D. Reyes-López. 2016. Heterosis de cruas entre líneas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) nativo mexicano tipo pimienta y líneas de tipo saladette. *Rev. Fitotec. Mex.* 39: 67-77.
- Mazzucato, A., R., Papa, E., Bitocchi, P. Mosconi, L. Nanni, V., Negri, M. E., Picarella, F., Siligato, G. P., Soressi, B., Tiranti and F. Veronesi. 2008. Genetic diversity, structure and marker-trait associations in a collection of Italian tomato (*Solanum lycopersicum* L.) landraces. *Theor. Appl. Genet.* 116: 657-669.

- Moose, S. P. and R. H. Mumm. 2008. Molecular plant breeding as the foundation for 21st century crop improvement. *Plant. Physiol* 147:969-977.
- Nuez, F., J., Phohens, and J. M. Blanca. 2004. Relationships, origin, and diversity of Galapagos tomatoes: implications for the conservation of natural populations. *Am. J. Bot.* 9: 86-99.
- Odong, T. L., J., van Heerwaarden, J., Jansen, T. J. L., van Hintum and F. A. van Eeuwijk. Determination of genetic structure of germplasm collections: are traditional hierarchical clustering methods appropriate for molecular marker data? *Theor. Appl. Genet.* 123:195-205.
- Parra-Gómez M. A., R., Lobato-Ortiz., J. J., García-Zavala, D., Reyes-López y M. J. Velasco-Alvarado. 2016. Evaluación de líneas de una cruce interespecífica de tomate. *Rev. Fitotec. Mex.* 39: 59-65.
- Phan N. T., K. Min-Kyung and S. Sung-Chur. 2016. Genetic variations of F₁ tomato cultivars revealed by a core set of SSR and InDel markers. *Scientia Horticulturae* 212: 155-161.
- Pinacho-Hernández A., E., José-José, J. C. Carrillo-Rodríguez, Y. Villegas-Aparicio, J. L., Chávez-Servia y A. M. Vera-Guzmán. Heterosis interpoblacional de híbridos F₂ de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) nativo de Oaxaca, México. *J. Int. Am. Soc. Trop. Agric. Hortic.* 55: 74-77.
- Rodríguez R. G., G. R., Pratta, R., Zorzoli and A. L. Picardi. 2006. Evaluation of plant and fruit traits in recombinant inbred lines of tomato obtained from a cross between *Lycopersicon esculentum* and *L. pimpinellifolium*. *Ciencia e Investigación Agraria* 33: 111-118.
- Städler, T., U., Arunyawat and W. Stephan. Population Genetics of Speciation in Two Closely Related Wild Tomatoes (*Solanum* Section *Lycopersicon*). *Genetics* 178: 339-350.
- Sokal R. and F. Rohlf. 1962. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon* 11: 33-40.
- Tam S. M., C., Mhiri, A. V., Marcel K., S. R. Pearce and M-A. Grandbastien. 2005. Comparative analyses of genetic diversities within tomato and pepper collections

- detected by retrotransposon-based SSAP, AFLP and SSR. *Theor. Appl. Genet.* 110: 819-831.
- Tibshirani R., G. Walther and T. Hastie. 2001. Estimating the number of clusters in a data set via the gap statistic. *J. R. Statist. Soc. B.* 63: 411-423.
- Varshney, R. K., D. A., Hoisington, S. N., Nayak and A. Graner. Molecular plant breeding: methodology and achievements. *In: Plant Genomics Somers, D. J., Langridge P. and J. P. Gustaf (eds). Humana press (Ed) New York. pp: 283-304.*
- Vázquez-Ortiz R., J. C., Carrillo-Rodríguez y P. Ramírez-Vallejo. 2010. Evaluación morfo-agronómica de una muestra del jitomate nativo del centro y sureste de México. *Naturaleza y Desarrollo* 8:49-64.
- Velasco-Alvarado M. de J., R., Lobato-Ortiz, J. J., García-Zavala, R., Castro-Brindis, S., Cruz-Izquierdo, T. Corona-Torres and M. K. Moedano-Mariano. 2017. Mexican native tomatoes as rootstocks to increase fruit yield. *ChileanJAR* 77: 187-193.
- Weir B. S. 1990. Genetic data analysis: methods for discrete population genetics data. Sinauer Associates, Inc., Sunderland (Ed.) Sunderland, Massachusetts. 445 p
- Yong-Sham K., P., Sun-Gi and Y. Seung-In. 2009. Assessment of Genetic Variation among Commercial Tomato (*Solanum lycopersicum* L) Varieties Using SSR Markers and Morphological Characteristics. *Genes and genomics* 31: 1-10.
- Zhou, R., Z., Wu and F.L. Jiang. 2015a. Genetic diversity of cultivated and wild tomatoes revealed by morphological traits and SSR markers. *GMR* 14: 13868-13879.
- Zhou, R. Z., Wu, F. L., Jiang and M. Liang. 2015b. Comparison of gSSR and EST-SSR markers for analyzing genetic variability among tomato cultivars (*Solanum lycopersicum* L.). *GMR* 14:13184-13194.

MATERIAL COMPLEMENTARIO

Cuadro A. 1 Origen de las colectas evaluadas en la caracterización agro morfológica y molecular.

Colecta	Origen	Fruto
LOR-22	Oaxaca	Riñón
LOR-77	La Ceiba, Puebla	Riñón
LOR-79	Zinacantepec, Puebla	Chino criollo
LOR-81	Altepeixi, Puebla	Riñón
LOR-82	Altepeixi, Puebla	Acostillado Grande
LOR-84	Altepeixi, Puebla	Chino criollo
LOR-86	Zinacantepec, Puebla	Ojo de venado
LOR-92	Otitlan, Chimalhuacan, Puebla	Cereza
LOR-95	Tehuacan, Puebla	Chino criollo
LOR-99	Santa Cruz Xitla, Oaxaca	Riñón
LOR-100	Santa Cruz Xitla, Oaxaca	Riñón
LOR-101	Miahuatlan, Oaxaca	Riñón
LOR-110	Zinacantepec, Puebla	Tipo calabaza
LOR-119	Sierra norte de Puebla	Riñón
LOR-120	Huachinango, Puebla	Ojo de venado
LOR-121	Huachinango, Puebla	Riñón
LOR-123	Huachinango, Puebla	Riñón
LOR-124	Necaxa, Puebla	Riñón
LOR-125	La Ceiba, Xicotepec, Puebla	Cereza
LOR-162	El Carrizal, Santa Cruz Zenzontepec, Oaxaca	Ojo de venado
LOR-167	San Andres Tuxtla, San Andres Tuxtla, Veracruz	Cereza
LOR-168	San Andres Tuxtla, San Andres Tuxtla, Veracruz	Ojo de venado
LOR-178	Tlapacoyan, Veracruz	Ojo de venado
LOR-185	Cosomaloapan, Veracruz	Cereza
LOR-195	La coca, Tihuatlan, Veracruz	Cereza
SUN7705	Comercial	Saladatte
HIBRIDO	Comercial	Cereza
<i>S.</i> <i>pimpinellifolium</i>	silvestre	

Cuadro A. 2 Valores propios y varianza absoluta y acumulada para los componentes principales obtenidos

Componente	Valor propio	Varianza absoluta	Varianza total acumulada
1	3.2716	0.5352	0.5352
2	1.7929	0.1607	0.6959
3	1.5441	0.1192	0.8151
4	0.9190	0.0422	0.8573
5	0.8561	0.0366	0.8940
6	0.7505	0.0282	0.9221
7	0.6878	0.0237	0.9458
8	0.5804	0.0168	0.9626
9	0.4925	0.0121	0.9748
10	0.3855	0.0074	0.9822
11	0.3188	0.0051	0.9873
12	0.2965	0.0044	0.9917
13	0.2423	0.0029	0.9946
14	0.1900	0.0018	0.9964
15	0.1586	0.0013	0.9977
16	0.1236	0.0008	0.9984
17	0.1177	0.0007	0.9991
18	0.0966	0.0005	0.9996
19	0.0681	0.0002	0.9998
20	0.0592	0.0002	1.0000

Cuadro A. 3 Vectores propios para tres componentes principales de mayor varianza explicativa para las variables evaluadas

VARIABLE	CP1	CP2	CP3	CP1	CP2	CP3
	Carga sin rotación			Carga con rotación		
DF1	-0.28	0.00	0.00	0.91	0.01	0.15
AR	-0.26	-0.19	0.00	0.84	0.35	0.09
DM	-0.25	0.00	-0.20	0.82	-0.10	0.33
NFL3	0.15	-0.23	-0.49	-0.48	0.42	0.74
NRT	0.29	0.12	0.00	-0.93	-0.24	-0.13
LH	-0.17	0.00	0.15	0.56	-0.04	-0.22
LR	0.12	-0.49	0.00	-0.38	0.89	0.09
DR	-0.18	-0.38	0.21	0.60	0.67	-0.32
DT	-0.22	0.00	0.00	0.68	-0.13	0.01
NH	0.29	0.00	0.00	-0.95	-0.04	-0.01
NFR3	0.18	-0.22	-0.43	-0.57	0.41	0.67
NTF	0.21	0.00	-0.43	-0.71	0.17	0.65
PPF	-0.27	0.00	-0.16	0.88	-0.07	0.25
PT	-0.26	-0.17	0.00	0.86	0.30	0.12
DE	-0.26	-0.26	0.00	0.84	0.47	0.01
DP	-0.29	0.00	-0.13	0.94	-0.12	0.22
NL	0.00	-0.48	0.15	0.08	0.86	-0.25
B	0.25	0.00	0.00	-0.83	0.05	-0.11
AP	0.12	-0.32	0.40	-0.38	0.55	-0.63
F	-0.20	0.13	-0.16	0.66	-0.26	0.11

DF1: días a floración del primer racimo, AR: altura de racimo, DM: días a madurez del primer fruto, NFL3: número de flores del tercer racimo, NRT: número de racimos totales, LH: longitud de hoja, LR: longitud de racimo, DR: distancia entre racimo, DT: diámetro de tallo, NH: número total de hojas, NFR3: número de frutos del tercer racimo, NTF: número total de frutos, PPF: peso promedio de fruto, PT: peso total de frutos, DE: diámetro ecuatorial de fruto, DP: diámetro polar de fruto, NL: número de lóculos, B: sólidos solubles totales, AP: altura de planta, F: firmeza de fruto.

Cuadro A. 4. Promedio de variación agro-morfológica para los cuatro grupos identificados en el análisis de agrupamiento

VARIABLE /GRUPO	G I	G II	G III	G IV	DMS
NF	87.5 a	8.03 c	9.76 c	18.68 b	5.47
NRT	13.42 a	6.85 b	12.06 a	9.21 b	1.51
NFR	35.41 a	5.57 c	7.74 b-c	10.47 b	3.99
NFRT	514.33 a	31.95 c	92.55 b	81.7 b	40.53
DE	1.2 b	5.74 a	2.39 b	5.19 a	1.08
DP	1.10 c	6.39 a	2.25 b-c	3.14 b	0.77
PPFR	0.59 b	83.14 a	7.71 b	24.25 b	20.47
PFR	0.31 c	2.57 a	0.69 b-c	1.74 a-b	0.75
SST	8.36 a	4.48 b	6.91 a-b	6.10 a-b	1.43
FFR	0.47 b	0.98 a	0.65 b	0.69 a-b	0.24
NL	2 b	3.67 b	2.22 b	9.56 a	2.89
DF	17 c	32.66 a	21.33 b-c	25.78 b	3.3
DM	74.42 b	91.16 a	74.39 b	78.78 a-b	7.41
LH	26.33 b	35.70 a	32.42 a-b	34.13 a	4.51
NH	44.92 a	28.83 c	38.08 b	34.62 b	3.29
LR	50.08 a	19.47 b	23.17 b	40.60 a	7.46
DR	11.23 c	27.41 a	20.12 b	30.56 a	4.24
DT	11.05 b	15.17 a	13.32 a-b	13.99 a-b	2.05
AP	1.75 c	1.91 b-c	2.34 a-b	2.67 a	0.3
AR	12.49 b	38.32 a	16.58 b	31.30 a	6.43

DF1: días a floración del primer racimo, AR: altura de racimo, DM: días a madurez del primer fruto, NFRL3: número de flores del tercer racimo, NRT: número de racimos totales, LH: longitud de hoja, LR: longitud de racimo, DR: distancia entre racimo, DT: diámetro de tallo, NH: número total de hojas, NFR3: número de frutos del tercer racimo, NTF: número total de frutos, PPF: peso promedio de fruto, PT: peso total de frutos, DE: diámetro ecuatorial de fruto, DP: diámetro polar de fruto, NL: número de lóculos, B: sólidos solubles totales, AP: altura de planta, F: firmeza de fruto.

Cuadro A. 5. Cuadrados medios y coeficiente de variación para el análisis de varianza combinado entre los grupos obtenidos en el análisis de agrupamiento para 20 variables evaluadas en los genotipos empleados

VAR	G II				G III			
	CM	ERROR	CV	MEDIA	CM	ERROR	CV	MEDIA
NFL3	45.24	8.7	19.22	8.03	45.24	8.7	19.22	9.76
NFR3	11.83**	9.88	34.42	5.57	11.83**	9.88	34.42	7.74
NRT	4.07**	0.4	6.63	6.85	4.07**	0.4	6.63	12.06
NTF	1350.68**	964.12	35.99	31.94	1350.68**	964.12	35.99	92.55
DE	2.45**	0.05	5.55	5.74	2.45**	0.05	5.55	2.39
DP	1.17**	0.05	6.32	6.39	1.17**	0.05	6.32	2.25
PPF	700.54**	92.75	27.87	83.14	700.54**	92.75	27.87	7.71
PT	0.81	0.19	27.4	2.57	0.81**	0.19	27.4	0.69
B	3.81	0.3	9.18	4.48	3.81**	0.3	9.18	6.91
F	0.09	0.01	17.28	0.98	0.09**	0.01	17.28	0.65
NL	17.55	0.34	10.88	3.67	17.55**	0.34	10.88	2.21
DF	20.63**	1.93	5.39	32.66	20.63**	1.93	5.39	21.33
DM	98.10**	9.41	3.8	91.16	98.10**	9.41	3.8	74.39
LH	35.25**	3.97	5.9	35.7	35.25**	3.97	5.9	32.42
NH	16.17**	3.26	5.23	28.83	16.17**	3.26	5.23	38.08
LR	91.47**	12.98	12.13	19.47	91.47**	12.98	12.13	23.17
DR	27.67	5	8.67	27.41	27.67**	5	8.67	20.12
DT	6.32	1.48	8.7	15.17	6.32**	1.48	8.7	13.32
AP	0.14**	0.02	6.78	1.91	0.14**	0.02	6.78	2.34
AR	77.61**	5.57	8.42	38.32	77.61**	5.57	8.42	16.58

VAR: variable evaluada, DF1: días a floración del primer racimo, AR: altura de racimo, DM: días a madurez del primer fruto, NFL3: número de flores del tercer racimo, NRT: número de racimos totales, LH: longitud de hoja, LR: longitud de racimo, DR: distancia entre racimo, DT: diámetro de tallo, NH: número total de hojas, NFR3: número de frutos del tercer racimo, NTF: número total de frutos, PPF: peso promedio de fruto, PT: peso total de frutos, DE: diámetro ecuatorial de fruto, DP: diámetro polar de fruto, NL: número de lóculos, B: solidos solubles totales, AP: altura de planta, F: firmeza de fruto

Continuación Cuadro A. 5

FV	G IV				ENTRE GRUPOS			
	CM	ERROR	CV	MEDIA	CM	ERROR	CV	MEDIA
NFL3	45.24 **	8.70	19.22	18.68	6036.94**	8.70	19.22	15.35
NFR3	11.83**	9.88	34.42	10.46	829.24**	9.88	34.42	9.13
NRT	4.07**	0.40	6.63	9.21	131.43**	0.40	6.63	9.59
NTF	1350.68**	964.12	35.99	81.7	207429.56**	964.12	35.99	86.26
DE	2.45**	0.05	5.55	5.19	67.84**	0.05	5.55	4.33
DP	1.17**	0.05	6.32	3.13	87**	0.05	6.32	3.69
PPF	700.54**	92.75	27.87	24.24	27694.77**	92.75	27.87	34.54
PT	0.81**	0.19	27.40	1.74	16.81**	0.19	27.40	1.59
B	3.81**	0.30	9.18	6.1	31.68**	0.30	9.18	5.98
F	0.09**	0.01	17.28	0.69	0.63**	0.01	17.28	0.75
NL	17.55**	0.34	10.88	9.56	316.84**	0.34	10.88	5.39
DF	20.63**	1.93	5.39	25.78	632.51**	1.40	4.55	25.99
DM	98.10**	9.41	3.80	78.78	1313.87**	9.41	3.80	80.69
LH	35.25**	3.97	5.90	34.13	102.82**	3.97	5.90	33.76
NH	16.17**	3.26	5.23	34.62	481.17**	3.26	5.23	34.45
LR	91.47**	12.98	12.13	40.6	2943.93**	12.98	12.13	29.69
DR	27.67**	5.0	8.67	30.56	772.74**	5.0	8.67	25.78
DT	6.32**	1.48	8.7	13.99	23.8**	1.26	8.02	14
AP	0.14**	0.02	6.78	2.67	3.07**	0.02	6.78	2.33
AR	77.61**	5.57	8.42	31.30	2384.58**	5.57	8.42	28.02

FV: Variables evaluada, DF1: días a floración del primer racimo, AR: altura de racimo, DM: días a madurez del primer fruto, NFL3: número de flores del tercer racimo, NRT: número de racimos totales, LH: longitud de hoja, LR: longitud de racimo, DR: distancia entre racimo, DT: diámetro de tallo, NH: número total de hojas, NFR3: número de frutos del tercer racimo, NTF: número total de frutos, PPF: peso promedio de fruto, PT: peso total de frutos, DE: diámetro ecuatorial de fruto, DP: diámetro polar de fruto, NL: número de lóculos, B: solidos solubles totales, AP: altura de planta, F: firmeza de fruto.

Cuadro A. 6 Comparación de medias entre colectas de grupo II para las variables con diferencias significativas del análisis de varianzas

VAR/C	L-109	L-110	L-79	L-81	L-82	L-84	L-95	SUN	DMS
NRT	7.48 a-b	7 a-c	7 a-c	6.96 b-c	6.08 d-c	6.44 b-d	5.75 d	8.08 a	1.11
NTF	40.71 a	24.83 b-c	30.58 a-c	36.79 a-b	18.91 c	31.08 a-b	30.5 a-c	42.16 a	12.1
DE	5.19 c	6.23 b	5.72 b-c	5.35 c	7.54 a	5.37 c	5.4 c	5.14 c	0.78
DP	6.28 b	7.49 a	6 b	6.41 b	5.76 b	6.55 b	6.19 b	6.42 b	1.01
PPF	68.85 b	92.5 a-b	70.89 b	70.43 b	139.87 a	78.05 b	65.74 b	78.84 b	48.61
F	0.81 b-c	0.70 c	1.06 a-b	1.04 a-c	0.97 a-c	0.90 b-c	1.08 a-b	1.28 a	0.34
NL	2.38 c	4.71 b	2.7 c	2.82 c	8.56 a	2.91 c	2.61 c	2.68 c	1.56
DF1	35.16 a	34.75 a	33.66 a	32.62 a	33.08 a	32.25 a	35.33 a	24.41 b	3.57
DM	92.16 a-b	94.41 a-b	93.83 a-b	93.79 a-b	85.41 b-c	89.72 b-c	99.25 a	80.75 c	9.12
LH	35.13 a-b	33.74 b	34.61 a-b	35.49 a-b	33.85 b	35.43 a-b	36.93 a-b	40.42 a	6.43
NH	27.93 a-c	27.58 b-c	31.25 a	31.25 a	27.75 b-c	27.5 b-c	30.66 a-b	26.75 c	3.34
LR	21.05 a-b	22.33 a	18.16 a-b	19.79 a-b	15.67 b	18.54 a-b	21.91 a-b	18.29 a-b	6.41
DT	15.77 a-b	14.89 a-b	15.54 a-b	14.63 a-b	14.91 a-b	14.19 b	16.81 a	14.62 a-b	2.58
AP	1.94 a-b	1.94 a-b	1.97 a-b	1.96 a-b	1.68 b	1.70 b	1.97 a-b	2.11 a	0.36
AR	37.16 a-b	31.66 b	42.75 a	39.21 a-b	41.91 a	39.69 a-b	42.75 a	31.41 b	9.18

VAR: variable evaluada, C: colecta evaluada, DF1: días a floración del primer racimo, AR: altura de racimo, DM: días a madurez del primer fruto, LH: longitud de hoja, LR: longitud de racimo, DT: diámetro de tallo, NH: número total de hojas, NTF: número total de frutos, PPF: peso promedio de fruto, DE: diámetro ecuatorial de fruto, DP: diámetro polar de fruto, NL: número de lóculos, AP: altura de planta, F: firmeza de fruto.

Cuadro A. 7. Comparación de medias entre colectas de grupo III para las variables con diferencias significativas del análisis de varianzas

VAR/C	CER	L-125	L-162	L-167	L-168	L-185	L-195	L-86	L-92	DMS
NFR3	8.75 a-c	7.5 a-c	10.91 a	8.83 a-b	8.43 a-c	8.21 a-c	6.5 b-c	5.58 b-c	5 c	3.78
NRT	11.16 c-d	11.83 b-c	9.33 d	13.41 a-b	11.93 b-c	14.08 a	13.41 a-b	10.83 c-d	12.58 a-c	1.92
NTF	84.83 c-d	82.67 c-d	88.83 b-d	134.33 a-b	93.48 a-c	141.67 a	98.42 a-c	64.67 c-d	44.08 d	49.2
DE	3.38 a	1.89 c-d	3.48 a	2.46 b	2.32 b-c	1.89 c-d	1.77 d	2.52 b	1.80 d	0.52
DP	3.15 a	1.78 b-c	3.14 a	2.39 b	2.21 b-c	1.76 b-c	1.74 b-c	2.37 b	1.68 c	0.68
PPF	21.65 a	3.72 d-e	15.71 b	6.97 c	6.13 c-d	3.17 e	2.97 e	6.01 c-d	3.06 e	2.45
PT	1.80 a	0.30 e-f	1.41 b	0.92 c	0.55 d	0.43 d-e	0.27 e-f	0.41 d-e	0.13 f	0.23
B	5.82 c-d	6.33 b-c	4.32 d	6.79 b-c	8.04 a-b	7.58 a-b	6.49 b-c	7.59 a-b	9.25 a	1.73
F	0.76 a-b	0.57 a-c	0.34 c	0.68 a-b	0.75 a-b	0.69 a-b	0.83 a	0.52 b-c	0.73 a-b	0.27
NL	2.11 b	2 b	2.28 b	2 b	2 b	2 b	2 b	3.56 a	2 b	1.17
DF	23.25 b-c	20 d-f	24.91 b	19.16 f	22.16 c-d	28.75 a	19.25 e-f	21.41 c-e	21.25 c-f	2.1
DM	78.83 a-c	70.91 c-e	81.58 a	71.5 b-d	71.41 b-d	63.08 e	70.16 d-e	79.58 a-b	82.5 a	8.27
LH	31.54 b-d	40.44 a	27.79 d	34.27 a-c	30.79 b-d	28.75 c-d	29.17 c-d	36.25 a-b	32.85 b-d	6.18
NH	36.5 a-b	37.16 a-b	33.75 b	40.5 a	37.5 a-b	40.12 a-b	39.6 a-b	37.25 a-b	40.33 a	6.55
LR	24.75 a-b	21.33 a-b	22.88 a-b	29.50 a	24.98 a-b	25.33 a-b	15.08 b	23.5 a-b	21.17 a-b	10.42
DR	23.29 a	20.41 a-b	23.10 a	23.48 a	22.80 a	16.02 b	18.25 a-b	18.37 a-b	15.35 b	5.44
DT	13.01 a-b	12.45 a-b	15.23 a	12.29 a-b	14.29 a	14.73 a	13.94 a	13.46 a-b	10.49 b	3.29
AP	2.41 a-c	2.51 a-b	2.05 c-d	2.74 a	2.43 a-b	2.46 a-b	2.33 b-d	2.15 b-d	2.02 d	0.35
AR	24.17 a	13.10 d	26.46 a	12.29 d	18.54 b	10.75 d	13.67 c-d	17.79 b-c	12.50 d	4.33

VAR: variable evaluada, C: colecta evaluada, DF1: días a floración del primer racimo, AR: altura de racimo, DM: días a madurez del primer fruto, NFL3: número de flores del tercer racimo, NRT: número de racimos totales, LH: longitud de hoja, LR: longitud de racimo, DR: distancia entre racimo, DT: diámetro de tallo, NH: número total de hojas, NTF: número total de frutos, PPF: peso promedio de fruto, PT: peso total de frutos, DE: diámetro ecuatorial de fruto, DP: diámetro polar de fruto, NL: número de lóculos, B: sólidos solubles totales, AP: altura de planta, F: firmeza de fruto.

Cuadro A. 8. Comparación de medias entre colectas de grupo IV para las variables con diferencias significativas del análisis de varianzas

VAR/C	L-100	L-101	L-119	L-120	L-121	L-123	L-124	L-178	L-22	L-77	L-99	DMS
NF	27.91 a	17.08 b-d	19.58 a-d	11.41 d	16.75 b-d	24.08 a-b	10.75 d	13.75 c-d	22.41 a-c	26.97 a	14.83 c-d	9.24
NRT	8.75 c-e	8.25 d-e	7.91 e	11.25 a	9.66 b-d	8.16 d-e	10.58 a-b	9.58 b-d	8.66 c-e	10.16 a-c	8.41 d-e	1.56
NFRT	67.91 b-d	58 c-d	60.5 b-d	91.08 a-b	91.5 a-b	82.16 a-d	102.5 a	91.66 a-b	107 a	91 a-c	55.42 d	33.03
DE	6.22 a	5.86 a-b	6.55 a	4.49 d	5.02 c-d	5.79 a-b	4.6 d	2.6 e	4.56 d	5.45 b-c	6.01 a-b	0.76
DP	3.99 a-b	4.12 a	3.59 b-c	2.31 e	2.64 d-e	3.35 c	2.47 d-e	2.61 d-e	2.42 e	2.86 d	4.15 a	0.41
PPFR	30.30 a-c	35.49 a	41.28 a	16.35 c-d	16.81 c-d	34.51 a-b	16.08 c-d	8.22 d	11.66 d	19.71 b-d	36.31 a	15.68
PFR	1.91 a-d	2.04 a-c	2.48 a-b	1.44 b-d	1.50 b-d	2.78 a	1.54 b-d	0.75 d	1.21 c-d	1.80 a-d	1.75 a-d	1.17
GB	4.93 c-e	4.33 e	5.41 b-e	5.74 b-e	6.93 a-b	6.34 b-d	6.87 a-b	6.76 b	8.61 a	6.55 b-c	4.65 d-e	1.77
FFR	1.13 a	0.86 a-b	0.66 b	0.47 b	0.59 b	0.53 b	0.76 a-b	0.52 b	0.55 b	0.67 a-b	0.84 a-b	0.47
NL	9.43 c	6.58 d	12.25 a-b	12.1 a-b	13.23 a	10.51 b-c	10.53 b-c	2 e	9.96 b-c	12.25 a-b	6.3 d	2.4
DF	29.41 a	25.91 a-e	25.08 b-e	22.08 e	23.58 d-e	24.42 d-e	24.91 c-e	28.75 a-c	24.33 d-e	26.16 a-d	29 a-b	4.06
DM	86.91 a	81.58 a-c	82.83 a-b	72.5 c	72.58 c	76.75 b-c	76 b-c	79.75 a-c	73.08 c	80.75 a-c	83.91 a-b	9.2
LH	38.28 a-b	33.95 b-e	38.17 a-c	31.5 e-f	28.92 f	35.02 a-e	28.5 f	36.22 a-d	32.41 d-f	33.68 c-e	38.81 a	4.57
NH	32.16 e-f	33.58 b-f	30.83 f	40.25 a	35.92 b-d	35.16 b-e	36.33 b-c	35 b-e	32.58 d-f	36.42 b	32.67 c-f	3.69
LR	42.16 b-c	34.46 b-c	40.54 b-c	36.87 b-c	58.17 a	45.91 a-b	35.5 b-c	31.66 c	42.08 b-c	46.79 a-b	32.46 c	12.8
DR	29.41 b-d	29.92 a-d	34.35 a-b	26.54 c-d	32.41 a-c	35.08 a-b	28.04 c-d	29.23 b-d	35.75 a	25.92 d	29.50 b-d	6.09
DT	15.58 a-c	15.81 a-b	12.17 c-d	12.83 b-d	11.68 d	14.38 a-d	13.08 b-d	14.58 a-d	13.94 a-d	12.45 b-d	17.37 a	3.55
AP	2.45 b-c	2.34 c	2.52 b-c	2.73 a-c	2.84 a-c	2.98 a-b	2.81 a-c	3.06 a	2.84 a-c	2.53 a-c	2.33 c	0.53
AR	30.41 c-e	27.91 d-e	33.42 b-d	24.51 e	27.21 d-e	37.08 a-b	27.25 d-e	40.75 a	36.04 a-c	28.58 d-e	31.16 b-d	6.57

VAR: variable evaluada, C: colecta evaluada, CDF1: días a floración del primer racimo, AR: altura de racimo, DM: días a madurez del primer fruto, NFL3: número de flores del tercer racimo, NRT: número de racimos totales, LH: longitud de hoja, LR: longitud de racimo, DR: distancia entre racimo, DT: diámetro de tallo, NH: número total de hojas, NFR3: número de frutos del tercer racimo, NTF: número total de frutos, PPF: peso promedio de fruto, PT: peso total de frutos, DE: diámetro ecuatorial de fruto, DP: diámetro polar de fruto, NL: número de lóculos, B: sólidos solubles totales, AP: altura de planta, F: firmeza de fruto.

Cuadro A. 9. Alelos identificados con base al peso molecular para cada iniciador empleado

LOCUS/ALELO	A	B	C	D	E	F	G	H
SSR286	105	107	115					
SSR42	176	174	171	167				
SSR65	176	178	181	202				
SSR128	144	142	140	146				
SSR296	191	189	184	187				
SSR327	152	156	158	161				
SSR5	116	109	108	102	106			
SSR32	174	176	178	181	192			
SSR248	200	188	191	186	184			
SRR601	142	139	144	147	149			
SSR320	192	198	200	195	205			
SSR146	193	187	182	283	190	211		
TOM210	189	201	197	187	181	171		
SSR306	361	353	378	400	411	480		
SSR316	231	233	236	240	250	248		
SSR111	176	178	185	183	180	173		
TOM144	139	141	134	146	127	132	129	
SSR276	173	183	169	180	178	167	170	195

Cuadro A. 10. Valores de número de alelos observados y efectivos, índice de Shannon, heterocigocidad observada y esperada y contenido de información polimórfica para los loci evaluados

Locus	NAO	NEA	IS	HO	HE	PIC
SSR286	3.00	2.13	0.82	0.00	0.54	0.58
SSR42	4.00	2.20	0.99	0.00	0.55	0.53
SSR65	4.00	2.27	0.94	0.07	0.57	0.76
SSR128	4.00	1.80	0.86	0.00	0.45	0.83
SSR296	4.00	2.48	1.12	0.00	0.61	0.18
SSR327	4.00	2.03	0.92	0.00	0.52	0.66
SSR5	5.00	2.18	1.06	0.07	0.55	0.54
SSR32	5.00	2.97	1.24	0.00	0.68	0.56
SSR248	5.00	2.65	1.15	0.00	0.63	0.42
SRR601	5.00	4.26	1.53	0.03	0.78	0.73
SSR320	5.00	3.64	1.42	0.00	0.74	0.89
SSR146	6.00	2.12	1.02	0.69	0.54	0.69
TOM210	6.00	3.04	1.38	0.00	0.68	0.69
SSR306	6.00	3.38	1.39	0.00	0.72	0.53
SSR316	6.00	4.55	1.63	0.00	0.79	0.70
SSR111	6.00	4.18	1.58	0.00	0.77	0.81
TOM144	7.00	3.19	1.41	0.14	0.70	0.49
SSR276	8.00	4.85	1.78	0.03	0.81	0.81
PROMEDIO	5.17	3	1.24	0.06	0.65	0.63
SD	1.25	1	0.29	0.16	0.11	0.17

NAO: número de alelos observado, NEA: número de alelos efectivos, IS: índice de Shannon, HO: heterocigocidad observada, HE: heterocigocidad esperada, PIC: contenido de información polimórfica. SD: desviación estándar

Cuadro A. 11. Valores del número de alelos observados, índice de Shannon, heterocigocidad observada, esperada y promedio, Índice de Nei y loci polimórficos para cada colecta evaluada

COLECTA	NAO	IS	HO	HE	NEI	HP	LP
L-22	20	0.077	0.0250	0.0250	0.0556	0.0287	2
L-77	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-79	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-81	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-82	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-84	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-86	23	0.1925	0.2778	0.2778	0.1389	0.0287	5
L-92	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-95	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-99	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-100	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-101	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-109	18	0	0	0	0	0.0287	0
L-110	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-119	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-120	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-121	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-123	18	0	0	0	0	0.0287	0
L-124	18	0	0	0	0	0.0287	0
L-125	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-162	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-167	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-168	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-178	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
L-185	18	0	0	0	0	0.0287	1
L-195	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
SUN	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
CER	18	0	0	0	0	0.0287	0
PIM	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
PROMEDIO	19.00	0.04	0.05	0.05	0.03	0.03	1.03

NAO: número de alelos observado, IS: índice de Shannon, NEI: índice de NEI, LP: loci polimórfico, HO: heterocigocidad observada, HE: heterocigocidad esperada, HP: heterocigocidad promedio

Cuadro A. 12. Valores del número de alelos observados, índice de Shannon, heterocigocidad observada, esperada y promedio, Índice de Nei y loci polimórficos para los grupos identificados en el análisis de agrupamiento

GRUPO	NAO	IS	HO	HE	NEI	HP	LP
1	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
2	25	0.2623	0.0278	0.25	0.1875	0.0287	7
3	19	0.0385	0.0556	0.0556	0.0278	0.0287	1
4	48	0.5806	0.0556	0.4063	0.3647	0.0287	14
5	30	0.3367	0.037	0.2357	0.216	0.0287	10
6	28	0.3536	0.037	0.2963	0.2469	0.0287	10
7	30	0.4081	0.0556	0.3296	0.2747	0.0287	10
8	28	0.356	0.1667	0.3333	0.25	0.0287	10
9	32	0.4183	0.0648	0.2988	0.2739	0.0287	11
Promedio	28.78	0.31	0.06	0.25	0.21	0.03	8.22

NAO: número de alelos observado, IS: índice de Shannon, NEI: índice de NEI, LP: loci polimórfico, HO: heterocigocidad observada, HE: heterocigocidad esperada, HP: heterocigocidad promedio

Cuadro A. 13. Estadísticos de F-Wright para los grupos identificados en el análisis de agrupamiento

GRUPO	F _{IS}	F _{IT}	F _{ST}	Nm	LP
1	0.8888	0.8888	0.0000	1000.0000	1.0000
2	0.8095	0.8519	0.9259	0.0200	7.0000
3	0.8888	-1.0000	0.0000	1000.0000	1.0000
4	0.8667	0.8477	0.9238	0.0206	14.0000
5	0.8374	0.8681	0.9143	0.0234	10.0000
6	0.8500	0.8500	0.9250	0.0203	10.0000
7	0.8000	0.7978	0.8989	0.0281	10.0000
8	0.2667	0.3333	0.6667	0.1250	10.0000
9	0.7521	0.7634	0.8817	0.0335	11.0000
Promedio	0.7733	0.5779	0.6818	222.2523	8.2222

F_{IS}: coeficiente de endogamia en subpoblaciones, F_{IT}: relación entre endogamia y revida génica,

F_{ST}: índice de fijación, Nm: flujo génico, LP: loci polimórfico.

ANEXOS

ANEXO 1. SOLUCIONES PARA EXTRACCIÓN DE ADN

Solución amortiguadora con CTAB para extracción

SOL. CONCENTRADA	[FINAL]	1 RXN	10 RXN	30 RXN
dH ₂ O		6.5	65	195
1 M Tris-7.5	100 mM	1	10	30
5 M NaCl	700 mM	1.4	14	42
0.5 M EDTA 8.0	50 mM	1	10	30
CTAB	1 %	0.1	1	3
14 M β-mercaptoetanol	140 mM	0.1	1	3
TOTAL		10	100	300

Notas: Preparar solución cada extracción, precalentar a 65 °C antes de agregar el CTAB y BME.

0.5 M EDTA 8.0.

Disolver 186.12 g de Na₂EDTA·2H₂O (PM=372.24) en aproximadamente 750 ml de dH₂O. Agregar precipitados de NaOH para ajustar pH a 8.0. Una vez que el EDTA está en solución, aforar hasta 1000 ml con dH₂O. Esterilizar en autoclave.

5 M NaCl: 5 M cloruro de sodio.

Disolver 292.2 g de NaCl (PM= 58.44) en dH₂O, hasta obtener un volumen final de 1000 ml. Esterilizar en autoclave.

1 M Tris 7.5-8.0

Disolver 121 g de Tris-base en aproximadamente 750 ml de dH₂O. Agregar HCl concentrado hasta que se ajuste el pH a 7.5 o 8.0 (75 ml de HCl=pH 7.5, 49 ml de HCl=pH 8.0). Aforar a 1000 ml con dH₂O y esterilizar en autoclave.

TE 8.0: 10 Mm Tris 8.0, 1 mM EDTA 8.0

SOL. CONCENTRADA	50 ml	100 ml	1000 ml
dH ₂ O	0.5 ml	1 ml	10 ml
1 M Tris-8.0	0.1 ml	0.2 ml	2 ml
ddH ₂ O	aforar	aforar	aforar

ANEXO 2. GELES DE ACRILAMIDA (PAGE)

Geles de acrilamida

Solución/ Concentración	12 %		8 %	
	1 gel	2 geles	1 gel	2 geles
Acrilamida al 40 % (19:1)	18 ml	36 ml	12 ml	24 ml
5x TBE	12 ml	24 ml	12 ml	24 ml
H ₂ O dd	30 ml	60 ml	36 ml	72 ml
APS al 25 %	210 µl	420 µl	210 µl	420 µl
TEMED	30 µl	60 µl	30 µl	60 µl
Total	60 ml	120 ml	60 ml	120 ml

* Agregar al final, agitar brevemente y verter de manera inmediata para evitar solidificación en el matraz.

APS: Persulfato de amonio al 25 %

Solución	10 ml	20 ml
Persulfato de amonio	2.5 g	5 g
H ₂ O dd	Aforar a 10 ml	Aforar a 20 ml

El APS es peligroso, trabajar con precaución

5X TBE

Solución	1 litro	3 litros	5 litros
Tris base (PM=121.1.)	54 g	162 g	270 g
Ácido bórico (PM= 61.83)	27.5 g	82.5 g	137.5 g
0.5 M EDTA pH 8.0*	20 ml	60 ml	100 ml

*Se puede cambiar por 3.7 g de EDTA (PM=372.2) por litro de 5XTBE

Ajustar pH a 8.0 con ácido acético glacial

10X TBE

Solución	1 litro	3 litros	5 litros
Tris base (PM=121.1.)	108 g	216 g	540 g
Ácido bórico (PM= 61.83)	55 g	110 g	275 g
0.5 M EDTA pH 8.0	40 ml	80 ml	200 ml

Ajustar pH a 8.0 con ácido acético glacial

Azul de bromofenol 5X

Solución	50 ml	100 ml	Concentración final
1 M Tris-8.0	2.5 ml	5.0 ml	50 mM
0.5 M EDTA 8.0	0.5 ml	1 ml	5 mM
Sucrosa	12.5 g	25 g	25 %
Azul de bromofenol	100 mg	200 mg	2 mg/ml
Cianol de xileno*	100 mg	200 mg	2 mg/ml
H ₂ O dd	Aforar 50 ml	Aforar a100 ml	

*Puede ser opcional y se omitido para preparación

Dilución de escalera

Solución	200 µl
Stock escalera	5 µl
NaCl 5 M	0.8 µl
Azul de bromofenol	192.2 µl

ANEXO 3. SOLUCIONES PARA RELEVADO

Nitrato de plata

Solución	1 litro	2 litros
AgNO ₃	2 g	4 g
H ₂ O dd	Aforar a 1 litro	Aforar a 1 litro

Preparar y conservar en frasco color ambar

Etanol al 10 % con 0.5 ml / 100 ml de ácido acético

Solución	200 ml	400 ml	800 ml
Etanol	20 ml	40 ml	80 ml
Ácido acético	1 ml	2 ml	4
H ₂ O dd	Aforar a 200 ml	Aforar a 400 ml	Aforar 800 ml

Solución reveladora

Solución	200 ml	1 litro
NaOH	6 g	30 g
Formaldehído al 36-38 %*	1 ml	5 ml
H ₂ O dd	Aforar a 200 ml	Aforar a 1 litro

*.Agregar formaldehído antes de usar la solución, por ejemplo para un gel necesita 200 ml a los que debe agregar 1000 µl y agitar antes de verter

Solución de detención (Stopper) al 1.5 %

Solución	1 litro	2 litros
Na ₂ EDTA2H ₂ O (PM= 372.2)	15 g	30 g
H ₂ O dd	Aforar a 1 litro	Aforar a un litro

ANEXO 4. EXTRACCIÓN DE ADN

Recolección de tejido vegetal

Los diez ápices colectados fueron cosechados en un tubo eppendorf de 2 000 μL con pinzas disección, se recomienda realizar la cosecha 30 minutos antes de la extracción de ADN y conservarlos en hielo hasta el momento de la extracción.

Extracción de ADN (CTAB modificado por Bernatzky y Tanksley, 1986).

1. Agregar un balón por tubo y colocar nitrógeno líquido hasta cubrir el tejido por completo, esperar a que se evapore por completo el nitrógeno para cerrar los tubos para colocar los tubos en la placa del TissueLyser II.
2. Macerar el tejido durante 1.5 minutos a 25 frecuencias por segundo en TissueLyser II.
3. Agregar 500 μL de amortiguador de extracción (Anexo 1) y agitar las muestras por medio de vortex.
4. Después agregar 500 μL de CHISAM (24:1 cloroformo: alcohol isoamílico), enseguida invertir los tubos 4 veces y dejar incubar por 15 minutos en baño maría a 60°C .
5. Centrifugar los tubos por 10 minutos a 14 000 rpm para lograr la separación de fases.
6. El sobrenadante (300 μL aproximadamente) se transfieren al microtubo de 1,500 μL .
7. Agregar 300 μL de isopropanol frio para precipitar el ADN, invertir los tubos 4 veces.
8. Posteriormente centrifugar por 10 minutos a 14, 000 rpm para formar la pastilla de ADN. Se debe de eliminar el sobrenadante tratando de no perder la pastilla.
9. Para el lavado de la pastilla se agregó 1 ml de alcohol etílico e invirtieron los tubos. Después centrifugar las muestras por 10 minutos a 14,000 rpm y eliminar el sobrenadante con cuidado de no eliminar la pastilla.
10. Dejar secar los tubos a temperatura ambiente por 20 minutos.
11. Agregar 100 μL de Buffer TE (Anexo 1) y despegar la pastilla de ADN con ligeros movimientos de vortex.
12. Agregar 1.5 μL de RNAasa a cada tubo, esperar 1 minuto e incubar las muestras a 65°C en baño maría por 5 minutos para desactivar la enzima RNAasa.
13. Finalmente hacer un spin de centrifuga por 10 segundos y conservarlo a -20°C .
14. Determinar la concentración de DNA en $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ y calidad 260/280 con el espectrofotómetro “NanoDrop” de “Thermo Scientific”.

ANEXO 5. CANTIDAD Y CALIDAD DE ADN

Genotipo	ADN ng/ μ L	Calidad 260/280	Calidad 260/230
L-22	3110.6	2.01	1.84
L-77	6682.2	1.97	1.75
L-79	3948.8	1.98	1.74
L-81	2424.4	2.02	1.29
L-82	4427.1	2.02	1.91
L-84	8012.8	2	1.94
L-86	2679.5	2.05	1.77
L-92	12353.8	1.95	1.6
L-95	5326.8	1.98	1.68
L-99	4906.3	2	1.66
L-100	3098.7	2.01	1.74
L-101	9316.4	2	1.64
L-109	8573.2	1.95	1.74
L-110	4546.7	2.02	1.8
L-119	3040.1	1.91	1.64
L-120	3777	2.03	1.83
L-121	3424.8	1.9	1.52
L-123	1615	1.94	1.32
L-124	4424.3	1.81	1.02
L-125	3218.3	2.04	1.64
L-162	2226.4	1.99	1.45
L-167	2406.7	1.93	1.34
L-168	1801.1	1.98	1.54
L-178	5439.8	1.96	1.5
L-185	9542.8	1.99	1.9
L-195	5391.5	1.97	1.62
SUN	5012.7	1.96	1.64
CER	6082.1	1.93	1.59
PIM	11344.3	2.01	2.11

ANEXO 6. ELECTROFORESIS VERTICAL

Obtención del patrón de bandeado SSR

Para la obtención del patrón de bandeado realizar electroforesis vertical con geles de acrilamida.

Montaje de placas de vidrio

Las placas de vidrio se deben ensamblar los cristales con ayuda de los selladores y pinzas. El cristal completo llevará el sellador de silicón (color rojo), después de colocar este sellador al contorno de la placa se debe sobreponer el cristal con pestaña, dejando el borde del sellador rojo entre los vidrios, cuidar que no se mueva el primer sellador y queden bien sobrepuestas, finalmente sujetar con una pinza azul en cada lado vertical y dos pinzas blancas en el lado horizontal.

Preparación de geles

Los geles de acrilamida se preparan con base al anexo 2. Mezclar vigorosamente en un matraz pequeño por poco tiempo y verter la mezcla en el interior de la placa de vidrio, inmediatamente colocar el peine de 60 pozos, en el centro de la placa, esperar 20 minutos para su solidificación. (Nota: 1) La mezcla se debe de verter rápidamente para evitar formación de grumos. 2) La mezcla debe de quedar al nivel máximo permitido por la placa de vidrio).

Cargado de muestras

Para cargar las muestras se debe montar la cámara de electroforesis vertical conectando la manguera de agua y el desagüe. Colocar el gel solidificado y agregar 1,000 ml de buffer 1X TBE (Anexo 2).

Cargar 6 μ L de muestra por pozo (5 μ L de reacción PCR + 2 μ L de buffer de SGB 5X (Anexo 2)), de izquierda a derecha, dejando libre el primer pozo, el cual sirve para colocar el marcador de peso molecular adecuado.

Electroforesis

Después de cargar las muestras, se cierra la cámara, abrir la llave del agua e iniciar el corrimiento del gel a 250 volts durante 1.5 horas para iniciadores de 100 a 200 pb, mientras tanto para iniciadores mayores a 250 pb se emplearon 300 volts por 2 horas.

Tinción con plata y revelado

1. Desmontar cuidadosamente el gel de la placa de vidrio, aplicando fuerza en la esquina superior con la pinza de disección para separar los cristales.
2. Colocar el gel en una charola de plástico con ayuda del etanol al 10 % con ácido acético (Anexo 2), el gel debe quedar completamente cubierto por esta solución.
3. Agitar continuamente durante 5 minutos con ayuda de una plataforma vibratoria (Bio shaker)
4. Agregar 20 ml de nitrato de plata al 2% (Anexo 3) y agitar continuamente durante 10 minutos.
5. Retirar el gel de la solución y enjuagar con H_2O_{dd} hasta eliminar todos los restos de la solución.
6. Enseguida colocar 200 ml de solución reveladora (Anexo 3) a la charola con el gel y agitar durante 15 minutos.
7. Finalmente enjuagar el gel con abundante H_2O_{dd} (evitar tocar el gel con las manos) y agregar solución interruptora (Anexo 3).
8. El documentado se puede llevar a cabo 5 minutos después.

CAPITULO II PARÁMETROS GENÉTICOS DE UNA CRUZA INTERESPECÍFICA DE *S. lycopersicum* L. x *S. habrochaites*

RESUMEN

El acervo principal de variaciones alélicas del jitomate (*Solanum lycopersicum*) son sus parientes silvestres y los materiales nativos, los cuales evolucionaron de manera independiente al jitomate en ambientes distintos, lo que generó una mayor diversidad genética, situación opuesta a las variedades comerciales. El objetivo del presente estudio fue definir estrategias de aprovechamiento de *S. habrochaites* en el mejoramiento genético mediante la estimación del grado promedio de dominancia, heterosis con respecto al progenitor medio y heredabilidad en sentido amplio de una craza interespecífica con *S. lycopersicum*. Se empleó una línea S₈ derivada de una colecta de tipo pimiento procedente de Puebla, la accesión LA1223 de *S. habrochaites* y la generación F₁ de la craza de los dos materiales. Los genotipos se evaluaron en un diseño de bloques completos al azar durante dos ciclos de producción en sistema de hidroponía. Los progenitores presentaron características contrastantes para todos los caracteres evaluados; lo que generó diferencias significativas en la generación F₁ con respecto a ellos. La concentración de sólidos solubles en fruto, diámetro de tallo y altura de planta presentaron sobredominancia como grado promedio de dominancia con respecto a *S. habrochaites*; estos caracteres presentaron una heterosis de 17.2 %, 32.3 % y 49.2 % cada uno, y heredabilidad de 94 %, 78 % y 83 % para cada variable. Debido a los valores en estos parámetros evaluados el progenitor *S. habrochaites* incrementó 2 mm el diámetro de tallo, 30 cm la altura de planta y 1.1 ° brix los sólidos solubles totales con respecto al mejor progenitor, lo que sugiere el uso de esta línea silvestre en la formación de híbridos interespecíficos o líneas isogénicas que permitan aprovechar estas características en programas de mejoramiento genético del jitomate cultivado.

Palabras clave: *Solanum lycopersicum*, *Solanum habrochaites*, heredabilidad, heterosis, grado promedio de dominancia, mejoramiento genético.

ABSTRACT

The main stock for tomato allelic variations (*Solanum lycopersicum* L.) are the Mexican native and wild relatives tomatoes, as they evolved independently to the tomato in different environments, which generated greater diversity than the commercial varieties. The objective of this study was to define strategies for taking advantage of *S. habrochaites* in tomato breeding by estimating the average degree of dominance, heterosis with respect to the mid-parent and narrow-sense heritability in an interspecific cross with *S. lycopersicum*. An S₈ line was used, which derived from a collection of tomato type pepper from Puebla, as well as the LA1223 accession of *S. habrochaites* and the F₁ generation of the cross between the two materials. The genotypes were evaluated in a randomized complete block design during two cycles of production in a hydroponic system. Parents showed contrasting characteristics for all the traits evaluated, which generated significant differences in generation F₁ with respect to its parents. The concentration of soluble solids in fruit, stem diameter and plant height showed overdominance as average degree of dominance with respect to *S. habrochaites*; these characters had a heterosis of 17.2%, 32.3% and 49.2% each, and heritability of 94%, 78% and 83% for each variable. Hence, the values of *S. habrochaites* for these parameters increased 2 mm stem diameter, 30 cm the plant height and 1.1 ° brix soluble solids with respect to the best parent, which suggests the use of this wild line in the formation of interspecific hybrids or isogenic lines in order to take advantage of these features in tomato genetic improvement programs.

Key words: *Solanum lycopersicum*, *Solanum habrochaites*, heritability, heterosis, average degree of dominance, breeding.

INTRODUCCIÓN

El jitomate cultivado (*Solanum lycopersicum*) se derivó a partir de su progenitor silvestre *S. pimpinellifolium*, después fue domesticado y se empleó como cultivo en México (Peralta y Spooner, 2007); en contraste, *S. habrochaites* proviene de Sudamérica y se distribuye desde el suroeste de Ecuador al sur de Perú en ambientes con altitudes entre 500 y 3300 msnm, donde evolucionó y se encuentra de manera silvestre (Spooner *et al.*, 2005).

Los parientes silvestres y razas nativas de jitomate acumularon genes diferentes a través de su evolución; en cambio, las variedades comerciales o germoplasma élite sufrieron una reducción severa en su variabilidad genética debido al proceso de selección y mejoramiento que experimentaron (Bai y Lindhout, 2007).

Las colectas nativas de México poseen amplia diversa genética con caracteres contrastantes, por lo que se pueden emplear en programa de mejoramiento genético (Bonilla-Barrientos *et al.*, 2014; Marín-Montes *et al.*, 2016). Martínez-Vázquez *et al.* (2017) sugirieron que las colectas nativas de México presentan efectos aditivos en caracteres de fruto como rendimiento de fruto, número de frutos por planta, firmeza, número de flores y número de racimos por planta; en contraste, Hernández-Bautista *et al.* (2014) observaron que *S. pimpinellifolium* y una colecta nativa de México como progenitores permiten aprovechar acciones génicas de dominancia y sobredominancia para caracteres de flores y frutos.

Flores-Hernández *et al.* (2017) evaluaron parientes silvestres del jitomate, en los cuales observaron características que pueden ser de utilidad para el enriquecimiento de la base genética reducida del jitomate; por ejemplo, *S. habrochaites* fue el genotipo con mayor producción de sólidos solubles, de mayor peso de fruto y longitud de hoja. Así, Top *et al.* (2014) demostraron que la accesión LA1223 de *S. habrochaites* puede ser usada para incrementar la actividad antioxidante y contenido fenólico de los frutos.

En la actualidad *S. habrochaites* se usa para la formación de porta injertos *per se*, mediante líneas tolerantes a factores abióticos adversos como baja temperatura y sequía (Ntatsi *et al.*, 2017; Poudyal *et al.*, 2015; Poudyal *et al.*, 2017) y a factores bióticos como insectos y ataque de virus (Lucatti *et al.*, 2014; Wolters *et al.*, 2015). Estas características permitieron su uso como progenitor de híbridos interespecíficos con el fin de incrementar el vigor y adaptación de esta hortaliza para mejorar la expresión de ventajas productivas y de calidad de fruto de los genotipos empleados como vástagos.

El uso de parientes silvestres y nativos en el mejoramiento genético del jitomate puede modificar la base genética del jitomate cultivado, por tal motivo el objetivo del presente estudio

fue definir estrategias de aprovechamiento de *S. habrochaites* en el mejoramiento genético mediante la estimación del grado promedio de dominancia, heterosis con respecto al progenitor medio y heredabilidad en sentido amplio de una cruce interespecífica con *S. lycopersicum*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Ubicación

La presente investigación se desarrolló en el Programa de Conservación y Mejoramiento de los Recursos Genéticos del Jitomate del Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, ubicado en Montecillo, Estado de México, cuya localización geográfica es 19° 30' N y 98° 53' O, a 2250 msnm.

Material vegetal

Se evaluaron dos progenitores y su generación F₁. El progenitor femenino (LCP-95) fue la línea S₈ derivada de la accesión nativa LOR95 del tipo pimiento originaria de Tehuacán, Puebla; el progenitor masculino (Sh) fue la accesión LA1223 de *S. habrochaites* procedente de Perú, proporcionada por el Tomato Genetics Resource Center (TGRC) de la Universidad de Davis, California, Estados Unidos de América.

Evaluación fenotípica

La evaluación agronómica se realizó en los ciclos agrícolas primavera-verano de 2016 y 2017 en condiciones de invernadero. La siembra del ciclo de 2016 se realizó el 12 de marzo en charolas de poliestireno de 200 cavidades, empleando Peat moss (Kekkila[®]) como sustrato. El trasplante se realizó 43 días después de la siembra (dds). La siembra del segundo ciclo se realizó el 23 de abril de 2017 en condiciones similares a las del primer ciclo, y el trasplante ocurrió a los 40 dds.

Se empleó un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones, donde la unidad experimental consistió de 10 plantas, cada planta en una bolsa de polietileno color negro (12 L), con arenilla volcánica como sustrato, con una densidad de 2.7 plantas m⁻², en un sistema hidropónico abierto.

La nutrición se hizo con la solución Steiner (1984) a pH de cinco. Las plantas se condujeron a un tallo principal, el cual se despuntó 90 días después de siembra. El control de mosquita blanca (*Bemisia tabaci Gennadius*) se realizó con Imidacloprid y 50 Lambdacihalotrina + 100 Clorotraniliprole. Se empleó Carboxamida y Metalaxil-M + Clorotalonil para el control de *Phytophthora infestans*; y azoxistrobina para controlar *Alternaria solani*.

Se evaluaron 14 caracteres de fruto y planta: días a floración del primer racimo después de trasplante (DFPR), días a maduración del primer racimo después de trasplante (DM), número

de flores por racimo (NFL), número de frutos por racimo (NFR), número total de frutos por planta (NTF), número de lóculos del fruto (NL), rendimiento total de fruto por planta (PT, kg planta⁻¹), peso promedio de fruto al tercer racimo (PPF, g), diámetro de tallo (DT, mm), diámetro ecuatorial (DE, mm) y diámetro polar de fruto (DP, mm), sólidos solubles (principalmente sacarosa) (B, ° Bx), altura del primer racimo (AR, cm), altura total de planta (AP, cm).

En DP, DE, B y PPF se emplearon cinco frutos del tercer racimo de cada planta de la unidad experimental. La AR y AP se midieron con un flexómetro (TRUPER[®], modelo FH-3M). El PT y PPF se evaluaron con una balanza digital (Ohaus[®], modelo SP2001). Los B se midieron con un refractómetro digital (ATAGO[®], modelo PAL-1). DT, DP y DE fueron evaluadas con un vernier digital milimétrico y estándar (TRUPER[®], modelo CALDI-6MP).

Análisis estadístico

Se realizaron análisis de varianza combinado y comparaciones de medias de Tukey ($p = 0.05$), mediante SAS 9.0 (SAS Institute, 2002).

Para identificar la magnitud de las diferencias entre progenitores se calculó la razón proporcional entre progenitores (DEP), de acuerdo con Hernández-Bautista *et al.* (2014).

Con respecto al grado promedio de dominancia se empleó la metodología propuesta por Molina (1992), Falconer y Mackay (1996) y Hernández-Bautista *et al.* (2014).

La heterosis con respecto al progenitor medio se estimó con la fórmula: $H = ((F_1 - PM) / PM) \times 100$; donde H: heterosis porcentual (%), F_1 : media fenotípica de la población F_1 , PM: progenitor medio $((P_i + P_j) / 2)$; P_i y P_j son la media fenotípica del progenitor i y j (Falconer y Mackay, 1996).

Para el cálculo de heredabilidad en sentido amplio se empleó la fórmula: $H^2 = \sigma_g^2 / \sigma_p^2$; donde σ_g^2 = varianza genotípica y σ_p^2 = varianza fenotípica (Holland *et al.*, 2003).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de varianza

El análisis de varianza detectó significancia entre ciclos para la mayoría de las variables, excepto para DP; en contraste, detectó significancia entre genotipos para las todas variables evaluadas; esto indicó la posibilidad de identificar los genotipos superiores para variables de rendimiento y calidad. La interacción genotipos por ciclo solo resultó significativa para DM, DT y NL (Cuadro 2.1), lo cual indicó que los genotipos presentaron consistencia en sus valores a través de ambientes para la mayoría de variables.

Cuadro 2. 1. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado y heredabilidad en sentido amplio para 14 caracteres en una cruce de *S. lycopersicum* x *S. habrochaites*

FV [†]	PTF	PPF	NFR	NTF	NFL	DE	DP	DT	DFPR	DM	NL	B	AR	AP
	kg	g	Número			mm			días		número	° brix	cm	m
C	2.1 *	109.0*	115.1 *	4075.5*	368.2 *	25.6 *	5.9	2.5*	206.7 *	210.7 *	0.05 *	1.4*	1540 *	2800.4 *
R/C	0.02	9.75	7.93	129.53	17.76	2.1	5.7	1.7*	3.47	9.82**	0.01*	0.4	61.79	275.56
G	9.3 *	10407.5*	125.4*	4902.2*	3928.4*	2290.3*	5970.4 *	19.5*	504.5*	2021.9*	0.6 *	100.8 *	1088.5 *	11617.1*
G*C	0.51*	36.24*	29.62	319.39	158.29 *	0.01	2.85	0.17	92.66 **	169.09 *	0.11 *	1.5	33.63	592.16
ERROR	0.02	8.77	11.24	243.46	17.09	2.02	11.19	0.43	5.05	1.87	0.01	0.5 *	64.28	145.32
cv	15.91	11.09	29.6	25.39	16.95	4.58	8.48	4.19	6.83	1.39	3.11	8.2	14.8	5.7
media	1.065	26.7	11.32	61.43	24.38	31.05	39.43	15.72	32.9	98.09	2.17	9	54.16	2.11
H ² (%)	88	99	43	69	90	99	99	87	66	84	65	94	70	84

[†]FV = fuente de variación, C = ciclo, G = genotipo, G*C = ciclo*genotipo, R/C = repetición/ciclo, cv = coeficiente de variación, H² = heredabilidad en sentido amplio. AR = altura del primer racimo; AP= altura de planta; DT = diámetro de tallo; DE = diámetro ecuatorial de fruto; DP = diámetro polar de fruto; PTF = rendimiento de fruto; B = sólidos solubles; NFL= número de flores por racimo; NFR= número de frutos por racimo; NTF = número de frutos totales; NL = número de lóculos de fruto; DM= días a madurez del primer racimo; DFPR = días a floración del primer racimo.

Los coeficientes de variación tuvieron valores entre 1.39 % y 29.6 %, siendo NFR y NTF las variables de mayor variación, esto permite inferir que las variables evaluadas tuvieron un control experimental adecuado.

Grado promedio de dominancia y comparación entre genotipos

Con base en los promedios obtenidos para cada variable (Cuadro 2.2), los progenitores empleados presentaron características fenotípicas contrastantes, lo que sugiere que a partir de la generación F₁ de su cruce es posible incrementar la base genética para el mejoramiento genético del jitomate mediante la creación de germoplasma con nuevas combinaciones alélicas aportadas por el material Sh.

El progenitor Sh, con respecto a LCP-95, fue una planta de porte medio con mayor altura al primer racimo, con tallos delgados, mayor cantidad de flores y frutos al tercer racimo, con floración y maduración tardía, sus frutos fueron pequeños con sólidos solubles totales superiores (Cuadro 2.2). De manera similar, Flores–Hernández *et al.* (2017) reportaron características similares para esta accesión de *S. habrochaites*, lo que permite inferir que a pesar de ser accesiones silvestres presentan características estables en diferentes ambientes.

El progenitor LCP-95, con respecto a Sh, fue una planta de porte bajo con menor altura al primer racimo, con tallos de grosor medio, menor cantidad de flores y frutos al tercer racimo, con floración y maduración intermedia, sus frutos fueron grandes con menor cantidad de sólidos solubles totales (Cuadro 2.2). Del mismo modo, Martínez-Vázquez *et al.* (2016) describieron una línea S₅ derivada de la colecta L95, con características similares a las observadas en LCP-95.

La comparación de medias agrupó los genotipos sobresalientes para cada variable evaluada, la magnitud de las diferencias entre progenitores, evaluada mediante DEP, presentó 4.88 veces de diferencia hacia Sh en promedio de todas las variables, donde la variable con menor diferencia entre progenitores fue diámetro de tallo (1 vez), en cambio la de mayor diferencia fue el peso promedio de fruto (29 veces) (Cuadro 2.2).

En general, el progenitor Sh fue superior en DFPR (40.87 días), AR (64.65 cm), NFL (49.77 flores), y DM (116.38 días), mientras la generación F₁ fue superior a ambos progenitores en B (11.52 ° brix), DT (17.45 mm), y AP (2.51 m); para NFR y NTF, Sh y F₁ presentaron promedios estadísticamente similares. Lo anterior se explica por el grado promedio de dominancia parcial de los alelos silvestres que se observó en estas características; en contraste, LCP-95 fue superior en las características de AR (1.76), PTF (2.26), PPF (68.13) DE (50.26), DP (69.98) y NL (2.48).

Cuadro 2. 2. Comparación de medias y grado promedio de dominancia de 14 caracteres en cruza interespecífica de *S. lycopersicum* x *S. habrochaites*

G ⁺	PTF	PPF	NFR	NTF	NFL	DE	DP	DT	DFPR	DM	NL	B	AR	AP
	kg	g	Número			mm			días		número	° brix	cm	m
LCP-95	2.26 a	68.13 a	7.1 b	32.91 b	8.94 c	50.26 a	69.98 a	15.31 b	32.86 b	90.45 b	2.48 a	4.96 c	56.24 a	1.76 c
Sh	0.17 c	2.34 c	14.95 a	74 a	49.77 a	18.37 c	17.36 c	14.4 c	40.87 a	116.38 a	2 b	10.58 b	64.65 a	2.05 b
F1	0.76 b	9.63 b	11.93 a	77.38 a	14.43 b	24.52 b	30.94 b	17.45 a	24.99 c	87.46 c	2.04 b	11.52 a	41.6 b	2.51 a
DHS	0.21	3.84	4.06	18.29	5.31	1.82	3.9	1.17	2.71	2.71	0.11	0.91	10.16	0.17
PM	1.22	35.24	11.03	53.46	29.36	34.32	43.67	14.86	36.87	103.42	2.24	7.77	60.45	1.9
DEP	13.3	29.11	2.11	2.25	5.57	2.74	4.03	1.06	1.24	1.29	1.2	2.13	1.15	1.17
GD [†]	DPH	DPH	DPH	DPH	DPL	AD	AD	SD	DPL	DPL	DPH	SD	DPL	SD

Medias con letras iguales en columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). ⁺ G= genotipos, LCP-95 = Línea S₈ de LOR95; Sh = LA1223 *S. habrochaites*; PM = progenitor medio; F1 = progenie de cruza LCP-95 x Sh; DHS=diferencia honesta significativa, [†]GD = grado promedio de dominancia; DPL=dominancia parcial de LCP-95; DPS=dominancia parcia de Sh; AD= aditividad; SD= sobredominancia. AR = altura del primer racimo; AP= altura de planta; DT = diámetro de tallo; DE = diámetro ecuatorial de fruto; DP = diámetro polar de fruto; PFT = rendimiento de fruto; SST = sólidos solubles; NFL= número de flores por racimo; NFR= número de frutos por racimo; NFT = número de frutos totales; NL = número de lóculos de fruto; DM= días a madurez del primer racimo; DF = días a floración del primer racimo.

Los caracteres AR, NFL, DFPR, y DM presentaron dominancia parcial hacia el progenitor LCP-95, esto porque el genotipo F₁ presentó valores inferiores al progenitor medio pero próximas a este progenitor; en cambio, PPF, PTF, NFR, NTF y NL mostraron dominancia parcial hacia el progenitor silvestre Sh ya que la generación F₁ fue similar a Sh (Cuadro 2.2). De manera similar, se ha reportado que caracteres de precocidad y número de flores son controlados por efectos de dominancia parcial hacia alelos de jitomates silvestres (Hernández-Bautista *et al.*, 2014; López *et al.*, 2015).

Los caracteres con aditividad fueron DE, DP y NL, pues los valores promedio de la generación filial F₁ fueron similares al progenitor medio (Cuadro 2.2). Lippman y Tanksley (2001) demostraron en una cruce interespecífica de *S. lycopersicum* x *S. pimpinellifolium* que el tamaño de fruto está regulado por genes con efectos de aditividad.

Se identificó sobredominancia en F₁ en caracteres como AP, DT y B, porque presentaron valores superiores con respecto al mejor progenitor (Cuadro 2.2). En diferentes trabajos se reportaron resultados diferentes para sólidos solubles totales y tamaño de planta, porque estos caracteres fueron influenciados por dominancia como acción génica; lo anterior permitió inferir que Sh incrementa en mayor magnitud estos caracteres (Chattopadhyay *et al.*, 2011; Saleem *et al.*, 2013; López *et al.*, 2015).

Heterosis

La heterosis promedio para ambos ciclos varió de – 51 % a 56 % para las diferentes características evaluadas. De 14 caracteres evaluados, cinco presentaron heterosis positiva AP, DT, B, NFR y NTF; en contraste, el resto de las variables presentaron heterosis negativa (Cuadro 2.3).

Sin importar el tipo de valor positivo o negativo que presente la heterosis, esta siempre será importante para el mejoramiento genético. La heterosis positiva es deseable para aumentar la magnitud de caracteres como rendimiento de fruto o grano (Alam *et al.*, 2004; Escorcia-Gutierrez *et al.*, 2010, Martínez-Martínez *et al.*, 2014). En este trabajo se observó que B y NTF presentaron la mayor heterosis positiva, esto indicó que el Sh aumentó los valores para estas características; en contraste, DP, DE, PTF y PPF presentaron heterosis negativa lo que permitió inferir que Sh provocó una disminución para tamaño de fruto y rendimiento, por esto Sh no sería de utilidad para mejorar el rendimiento de fruto pero sí su calidad.

S. habrochaites se emplea para la formación de portainjertos que se emplean para la producción de jitomate en condiciones adversas (Ntatsi *et al.*, 2017; Poudyal *et al.*, 2015; Poudyal *et al.*, 2017), por lo anterior, se podría emplear LA1223 como progenitor de híbridos experimentales que sean utilizados como portainjertos o bien para la derivación de líneas que

Cuadro 2. 3. Heterosis con respecto al progenitor medio para 14 caracteres evaluados en una cruce interespecífica de *S. lycopersicum* x *S. habrochaites*

G [¶]	C ⁺	PTF	PPF	NFR	NFT	NFL	DE	DP	DT	DFPR	DM	NL	B	AR	AP
		kg	g	número			mm			días		número	° brix	cm	m
LCP-95	1	1.71	63.83	5.79	26.79	8.05	49.26	70.1	15	31.05	91.68	2.67	4.25	48.26	1.57
Sh	1	0.14	2.511	10.6	55.75	40.75	17.31	16.78	14.3	34.1	124.6	2	10.5	54.8	2.03
F ₁	1	0.46	7.354	11.1	62.55	12.6	23.46	29.9	17	24.7	86.95	2	11.6	35.8	2.4
PM	1	0.93	22.53	8.17	41.27	24.4	33.28	43.44	14.6	32.58	108.1	2.34	7.37	51.53	1.8
H (%)	1	-50.7	-0.674	35.3	51.56	-48.4	-29.5	-31.2	16.6	-24.2	-19.58	-14.4	57.7	-30.5	33.4
LCP-95	2	2.81	71.83	8.35	39.12	10.47	51.08	69.59	15.7	34.6	91.71	2.29	5.65	64.76	1.95
Sh	2	0.21	2.276	19.4	92.25	58.8	19.44	17.95	14.6	47.65	108.2	2	10.7	78.5	2.07
F ₁	2	1.07	10.16	12.9	105.3	16	25.36	31.89	18.1	25.17	88.19	2.06	11.5	49.88	2.64
PM	2	1.51	22.99	13.9	65.68	34.64	35.26	43.77	15.2	41.13	99.95	2.15	8.17	71.63	2.01
H (%)	2	-29.3	-0.558	-6.6	60.24	-53.8	-28.1	-27.1	19.1	-38.8	-11.77	-3.94	40.7	-30.4	31.2
Hp (%)		-40	-0.616	14.3	55.9	-51.1	-28.8	-29.2	17.9	-31.5	-15.67	-9.18	49.2	-30.5	32.3

¶ G = Genotipos, LCP-95= Línea S₈ de LOR95; Sh = LA1223; PM = progenitor medio; F₁ = LCP-95 x SH; H = Heterosis respecto al PM; Hp= Heterosis promedio para ambos ciclos. +C= ciclo de evaluación. AR = altura del primer racimo; AP= altura de planta; DT = diámetro de tallo; DE = diámetro ecuatorial de fruto; DP = diámetro polar de fruto; PFT = rendimiento de fruto; SST = sólidos solubles totales; NFL= número de flores por racimo; NFR= número de frutos por racimo; NFT = número de frutos totales; NL = número de lóculos de fruto; DM= días a madurez del primer racimo; DF = días a floración del primer racimo.

sean sobresalientes para esta característica y puedan ser empleadas *per se* como portainjerto, debido que Sh incrementó 2 mm el diámetro de tallo con respecto al mejor progenitor.

En sólidos solubles totales se observó que la heterosis fue alta (49.19 %) y mayor a la observada en diferentes estudios; por ejemplo, Hernández-Bautista *et al.* (2014) emplearon *S. pimpinellifolium* como progenitor donador y observaron heterosis negativa para esta característica (-0.98), en cambio Yadav *et al.* (2013) reportaron un híbrido de jitomate cultivado y silvestre de *S. lycopersicum* con heterosis alta (37.50 %) pero menor a la observada en este trabajo; por lo cual, Sh se podría emplear, mediante estrategias, para el mejoramiento de calidad interna de fruto; sin embargo se debe considerar que al emplearlo asimismo se modifican características como tamaño, peso y forma de fruto.

La heterosis observada en NFR (14.3 %) se encontró en el rango de -25 % a 38.9 %, la cual es la heterosis con respecto al progenitor medio reportada por Gul *et al.* (2010) para híbridos generados con accesiones silvestres de *S. lycopersicum*.

El número total de frutos mostró heterosis alta (55.90), la cual se encuentra en el rango observado por Yadav *et al.* (2013) quienes reportaron heterosis de -52.50 a 58.5 % en híbridos intraespecíficos de colectas cultivadas y silvestres de *S. lycopersicum*, pero es inferior a la observada en una cruce interespecífica *S. lycopersicum* x *S. pimpinellifolium* (183.93 %) (Hernández-Bautista *et al.*, 2014).

En caracteres de precocidad como días a floración y madurez es importante la obtención de heterosis negativa (Alam *et al.*, 2002). En el presente trabajo se observó que AR, DM y DF presentaron heterosis negativa; esto permitió inferir que Sh disminuye los días a floración y madurez, reduce la altura de racimo y el número de frutos; pero, reduce características importantes para tamaño y peso de fruto, lo que dificulta el uso directo de Sh para el mejoramiento de germoplasma élite, teniendo que buscarse otras opciones como la retrocruza; en cambio, Martínez-Vásquez *et al.* (2016) sugirieron para caracteres como tamaño, peso y forma de fruto que es preferible usar colectas nativas con características similares al germoplasma élite, debido a que se puede obtener más de 50 % de heterosis para estas características.

Las características de precocidad se expresaron en conjunto con caracteres indeseados como menor peso y tamaño de fruto, pero es posible emplear Sh en programas de mejoramiento genético a través de diferentes técnicas de selección y derivación de líneas que conserven únicamente los *loci* del progenitor Sh que controlan las características de interés, lo que podría permitir usar los alelos de Sh de una manera eficiente (Monforte y Tanksley 2000, Zamir, 2001).

Heredabilidad

La heredabilidad en sentido amplio (Cuadro 2.1) fue relativamente alta (81 %) de acuerdo con la escala de Molina (1992) y presentó un rango de 43% (NFR) a 99 % (PPF, DE y DP), lo que indica que la media poblacional de la cruce se podría modificar relativamente fácil, por esto es posible emplear métodos de selección para el mejoramiento genético de los caracteres evaluados (Monforte y Tanksley, 2000).

Los caracteres de fruto como PTF, DE, DP y B presentaron heredabilidad alta, lo que indicó que las condiciones ambientales tuvieron poco impacto sobre la varianza fenotípica, así la heredabilidad observada fue consecuencia de diferencias genéticas entre progenitores (Flint-García *et al.*, 2005). De manera similar, se reportaron valores parecidos para híbridos inter e intra específicos de *S. lycopersicum* y *S. pimpinellifolium* para estos caracteres (Hernández-Bautista *et al.*, 2014; Rodríguez *et al.*, 2008), lo que indica que estas características son reguladas principalmente por pocos *loci* (Frery *et al.*, 2000).

Los caracteres de DT, NFL y DM presentaron 87 %, 90 % y 84 % para heredabilidad; en contraste, Parra-Gómez *et al.* (2016) reportaron heredabilidad de 77 % para NFL en líneas S₃ derivadas de una cruce interespecífica de *S. lycopersicum* x *S. pimpinellifolium*. Asimismo, Hernández-Bautista *et al.* (2014) reportaron 78 % de heredabilidad para DM al emplear *S. pimpinellifolium* como progenitor.

Los caracteres NL, NFT, DF y AR presentaron heredabilidad intermedia (Cuadro 1) (Molina, 1992). Hernández-Bautista *et al.* (2014) encontraron que NL y NFT fueron de heredabilidad intermedia para una cruce de *S. lycopersicum* x *S. pimpinellifolium*. Asimismo, Rodríguez *et al.* (2008) reportaron heredabilidad intermedia para los caracteres DF y DM para híbridos de germoplasma nativo y silvestre con jitomate cultivado. Lo anterior sugiere que *S. habrochaites* tiene mayor potencial de uso en estas características, con respecto a *S. pimpinellifolium* y jitomate cultivado.

La heredabilidad resultó baja (Molina, 1992) para NFR (44 %), lo cual fue resultado de factores ambientales y no a las diferencias genotípicas entre progenitores; así Hernández-Bautista *et al.* (2014) reportaron valores similares para esta característica, lo que indica que este carácter está controlado por muchos genes y que la variación fenotípica se debe en gran medida a la interacción genotipo-ambiente (Flint-García *et al.*, 2005).

CONCLUSIONES

Los progenitores de jitomate cultivado y silvestre presentaron valores contrastantes para las variables de rendimiento y calidad evaluadas, permitiendo observar variaciones significativas

entre la generación F1 y sus progenitores, siendo esto de interés para el mejoramiento del jitomate cultivado por el aporte de variantes alélicas útiles de *S. habrochaites*.

Los caracteres sólidos solubles, diámetro de tallo y altura de planta presentaron sobredominancia como grado promedio de dominancia con respecto a *S. habrochaites*, haciendo de este progenitor un material valioso para mejorar estas características en *S. lycopersicum*; sin embargo, es necesario verificar la asociación con otros caracteres asociados a calidad de fruto.

Las características con mayor heterosis positiva fueron altura de planta, sólidos solubles y número total de frutos con 31.2 %, 40.70 % y 60.24 %, respectivamente. Por lo cual *S. habrochaites* incrementó 2 mm el diámetro de tallo, 30 cm la altura de planta y 1.1 ° brix los sólidos solubles totales con respecto al mejor progenitor.

Los caracteres días a floración del primer racimo, altura del primer racimo y peso total de fruto presentaron la mayor disminución de sus valores debido a su heterosis negativa; sin embargo, estos caracteres están asociados con la reducción del tamaño y peso de fruto, por esto se deben emplear métodos de selección o estrategias adecuadas para aprovechar los alelos silvestres de *S. habrochaites*.

La heredabilidad en promedio fue alta, observándose los mayores valores en peso promedio de fruto, diámetro ecuatorial y polar con 0.99; en cambio, el número de frutos por racimo presentó la menor heredabilidad con 0.43, lo cual es un indicador de que la selección en las progenies de la cruce podría ser efectiva para mejorar el peso de fruto.

LITERATURA CITADA

Alam M., F. R. Khan M., M. Nuruzzaman, S. Parvez, A. Swaraz M., I. Alam and N. Ashan

(2004) Genetics basis of heterosis and inbreeding depression in rice (*Oriza sativa* L.).

Journal of Zhejiang University SCIENCE 5: 406-411,

<https://doi.org/10.1631/jzus.2004.0406>

Bai Y. and P. Lindhout (2007) Domestication and breeding of tomatoes: what have we gained

and what can we gain in the future? *Annals of Botany* 100:1085-1094,

<https://doi.org/10.1093/aob/mcm150>

Bonilla-Barrientos O., R. Lobato-Ortiz, J. J. García-Zavala, S. Cruz-Izquierdo, D. Reyes-

López, E. Hernández-Leal y A. Hernández-Bautista (2014) Diversidad agronómica

y morfológica de tomates arriñonados y tipo pimienta de uso local en Puebla y Oaxaca,

- México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 37: 129-139,
<http://www.redalyc.org/pdf/610/61031068004.pdf>
- Chattopadhyay A., S. Dutta, P. Dutta and P. Hazra (2011)** Studies on heterobeltiosis, combining ability and gene action in tomato (*Solanum lycopersicum*). *International Journal of Plant Breeding* 5: 88-93,
[http://www.globalsciencebooks.info/Online/GSBOnline/images/2011/IJPB_5\(2\)/IJPB_5\(2\)88-93o.pdf](http://www.globalsciencebooks.info/Online/GSBOnline/images/2011/IJPB_5(2)/IJPB_5(2)88-93o.pdf)
- Escorcia-Gutiérrez, Nérida, J. D. Molina-Galán, F. Castillo-González y J. A. Mejía-Contreras (2010)** Rendimiento, heterosis y depresión endogámica de cruza simples de maíz. *Revista Fitotecnia Mexicana* 33:271-279,
<http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v33n3/v33n3a12.pdf>
- Falconer D. S. and T. F. C. Mackay (1996)** Introduction to Quantitative Genetics. Longman Group Ltd, Harlow, England. 464 p.
- Flint-Garcia S. A., A-C. Thuillet, J. Yu, G. Pressoir, S. M. Romero, S. E. Mitchell, J. Doebley, S. Kresovich, M. M. Goodman and E. S. Buckler (2005)** Maize association population: a high-resolution platform for quantitative trait locus dissection. *The Plant Journal* 44:1054-1664, doi: 10.1111/j.1365-313X.2005.02591.x
- Flores-Hernández L. A., R. Lobato-Ortiz., J. J. García-Zavala, J. D. Molina-Galán, D. M. Sangerman-Jarquín y M. de J. Velasco-Alvarado (2017)** Parientes silvestres del tomate como fuente de germoplasma para el mejoramiento genético de la especie. *Revista Fitotecnia Mexicana* 40: 83-91,
<https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/40-1/9a.pdf>
- Frary A., T. C. Nesbitt, A. Frary, S. Grandillo, E. van der Knaap, B., Cong ... S. D. Tanksley (2000)** *fw2.2*: a quantitative trait locus key to the evolution of tomato fruit size. *Science* 289: 85-88, <https://doi.org/10.1126/science.289.5476.85>

- Gul R., H. Ur-Rahman, I. H. Khalil, S. M. A. Shah and A. Ghafoor (2010)** Heterosis for flower and fruit traits in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *African Journal of Biotechnology* 9: 4144-4151, <http://www.academicjournals.org/journal/AJB/article-abstract/33BE4A517238>.
- Hernández-Bautista A., R. Lobato-Ortiz, S. Cruz-Izquierdo, J. J. García Zavala y J. L. Chávez-Servia (2014)** Variación fenotípica, heterosis y heredabilidad de una cruce interespecífica de jitomate. *Interciencia* 39: 327-332, <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33930879011>
- Holland J. B., W. E. Nyquist and C. T. Cervantes-Martínez (2003)** Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *Plant Breeding Reviews* 22:9-112.
- Lippman Z. and S. D. Tanksley (2001)** Dissecting the genetic pathway to extreme fruit size in tomato using a cross between the small-fruited wild species *Lycopersicon pimpinellifolium* and *L. esculentum* var. giant heirloom. *Genetics* 158: 413-422, <http://www.genetics.org/content/158/1/413>.
- López E., J. Gabriel, A. Angulo, J., Magne, J. La Torre y M. Crespo (2015)** Herencia y relación genética asociados al rendimiento, madurez en híbridos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.(MILL.)) *Agronomía Costarricense* 39:107.119, http://www.mag.go.cr/rev_agr/v39n01_107.pdf.
- Lucatti A. F., F. RG. Meijer-Dekens, R. Mumm, R. GF. Visser, B. Vosman and S van Heusden (2014)** Normal adult survival but reduced *Bemisia tabaci* oviposition rate on tomato lines carrying an introgression from *S. habrochaites*. *BioMed Central Genetics* 15:142:153, <https://doi.org/10.1186/s12863-014-0142-3>.
- Marín-Montes I. M., J. E. Rodríguez-Pérez, J. Sahagún-Castellanos, L. Hernández-Ibáñez and A. M. Velasco-García (2016)** Morphological and molecular variation in

- 55 native tomato collections from Mexico. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 22:117-131, <http://dx.doi.org/10.5154/r.rchsh.2016.03.008>.
- Martínez-Martínez R., I. Méndez-Infante, H. M. Castañeda-Aldaz, A. M. Vera-Guzmán, J. L. Chávez-Servia y J. C. Carrillo-Rodríguez (2014)** Heterosis interpoblacional en agromorfología y capsaicinoides de chiles nativos de Oaxaca. *Revista Fitotecnia Mexicana* 37: 199-207, <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/37-3/2r.pdf>
- Martínez-Vázquez E. A., A. Hernández-Bautista, R. Lobato-Ortiz, J. J. García-Zavala y D. Reyes-López (2017)** Exploring the breeding potential of Mexican tomato landraces. *Scientia Horticulturae* 220: 317-325, <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2017.03.031>
- Martínez-Vázquez E. A., R. Lobato-Ortiz., J. J. García-Zavala y D. Reyes-López (2016)** Heterosis de cruas entre líneas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) nativo mexicano tipo pimiento y líneas de tipo saladette. *Revista Fitotecnia Mexicana* 39: 67-77, <http://www.redalyc.org:9081/articulo.oa?id=61045279011>
- Molina G. J. D. (1992)** Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (Algunas Implicaciones en Genotecnia). AGT EDITOR. D.F., México. 370 p.
- Monforte A. J. and S. D. Tanksley (2000)** Development of a set of near isogenic and backcross recombinant inbred lines containing most of the *Lycopersicon hirsutum* genome in a *L. esculentum* genetic background: a tool for gene mapping and gene discovery. *Genome* 43:803-813, <https://doi.org/10.1139/g00-043>
- Ntatsi G., D. Savvas, V. Papatziropoulos, A. Katsileros, R. M. Zrenner, D. K. Hinch, ... and D. Schwarz (2017)** Rootstock sub-optimal temperature tolerance determines transcriptomic responses after long-term root cooling in rootstocks and scions of grafted tomato plants. *Frontiers in Plant Science* 8:1-15, <http://doi.org/10.3389/fpls.2017.00911>

- Parra-Gómez M. A., R. Lobato-Ortiz., J. J. García-Zavala, D. Reyes-López y M. J. Velasco-Alvarado (2016)** Evaluación de líneas de una cruce interespecífica de tomate. *Revista Fitotecnia Mexicana* 39: 59-65, <http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v39n1/v39n1a10.pdf>.
- Peralta I. E. and D. M. Spooner (2007)** History, origin and early cultivation of tomato (*Solanaceae*): In: Genetic Improvement of *Solanaceous* Crops. A. K. Mattoo. (ed.). Science publishers. New Hampshire, USA. pp: 1-24.
- Poudyal D., M. Akash, L. Khatri, D. Singh S. and R. Uptmoor (2017)** *Solanum habrochaites* introgression line grafted as rootstock in cultivated tomato maintains growth and improves yield under cold and drought stresses. *Journal of Crop Improvement* 31: 589-607, <http://dx.doi.org/10.1080/15427528.2017.1319887>
- Poudyala D., L. Khatria and R. Uptmoora (2015)** An introgression of *Solanum habrochaites* in the rootstock improves stomatal regulation and leaf area development of grafted tomatoes under drought and low root-zone-temperatures. *Advances in Crop Science and Technology* 3:175-185, <http://dx.doi.org/10.4172/2329-8863.1000175>
- Rodríguez J., M. Álvarez, C. Moya, D. Plana, F. Dueñas, E. Lescay y S. Rodríguez. (2008)** Evaluación de la heterosis y heredabilidad en híbridos cubanos de tomate (*Solanum lycopersicum*). *Cultivos Tropicales* 29: 63-68, <http://www.redalyc.org/pdf/1932/193221653008.pdf>
- Salem Y. M., M. Asghar, Q. Iqbal, A. Ur-Rahman and M. Akram (2013)** Diallel analysis of yield and some yield components in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). *Pakistan Journal Botany* 45:1247-1250, [http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/45\(4\)/17.pdf](http://www.pakbs.org/pjbot/PDFs/45(4)/17.pdf)
- SAS Institute (2002)** User's Guide of SAS (Statistical Analysis System). SAS Institute Inc. Cary North Carolina, USA. 550 p.

- Spooner D. M., I. E. Peralta, and S. Knapp (2005)** Comparison of AFLPs with other markers for phylogenetic inference in wild tomatoes [*Solanum L.* section *Lycopersicon* (Mill.) Wettst.]. *Taxon* 54: 43-61, <http://doi.org/10.2307/25065301>
- Steiner A. A. (1984)** The universal nutrient solution. *In: Proceedings of the 6th International Congress on Soilless Culture. 29 April - 5 May. International Society for Soilless Culture, ISOSC. Wageningen, The Netherlands. pp: 633-650.*
- Top O., C. Bar, B. Ökmen, D. Y. Özer, D. Ruscuklu, N. Tammer, ... S. Doganlar (2014)** Exploration of three *Solanum* species for improvement of antioxidant traits in tomato. *HortScience* 49:1003-1009, <http://hortsci.ashspublications.org/content/49/8/1003.short>
- Yadav S. K., B. K. Singh, D. K. Baranwal and S. S. Solankey (2013)** Genetic study of heterosis for yield and quality components in tomato (*Solanum lycopersicum*). *African Journal of Biotechnology* 8: 5585-5591, <http://www.academicjournals.org/journal/AJAR/article-abstract/17D802F41822>
- Wolters A. A. M., M. Caro, S. Dong, R. Finkers, J. Gao, R. G. F. Visser, X. Wang,... and Y Bai (2015)** Detection of an inversion in the *Ty- 2* region between *S. lycopersicum* and *S. habrochaites* by a combination of de novo genome assembly and BAC cloning. *Theoretical and Applied Genetics* 128: 1987-1997, <https://doi.org/10.1007/s00122-015-2561-6>.
- Zamir D. (2001)** Improving plant breeding with exotic genetic libraries. *Genetics* 2:983-989, <https://doi.org/10.1038/35103589>.

CONCLUSIONES GENERALES

Las evaluaciones morfológicas y moleculares son estudios complementarios que permiten evaluar de manera eficientes la diversidad existente en jitomates nativos y parientes silvestres, por lo que se recomienda hacer uso conjunto de estos estudios.

Las colectas nativas de México poseen diversidad agronómica, morfológica y molecular que puede ser empleada en el mejoramiento genético de jitomate.

S. habrochaites se puede emplear como progenitor para la formación de híbridos interespecíficos o para la formación de líneas que permitan aprovechar las variantes alélicas de este pariente silvestre para ampliar la base genética en programas de mejoramiento genético.

El uso de poblaciones nativas y/o parientes silvestres de jitomate permite incrementar la base genética del jitomate, porque poseen alelos diferentes al germoplasma élite y variedades mejoradas.