

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA

MAESTRÍA EN CIENCIAS EN BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA

**CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y BÚSQUEDA DE GENES DE
RESISTENCIA EN JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) NATIVO DE MÉXICO.**

TESIS PROFESIONAL

**QUE COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:**

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA**



DIRECCION GENERAL ACADEMICA
DEPTO. DE SERVICIOS ESCOLARES
OFICINA DE EXAMENES PROFESIONALES



PRESENTA:

JULIO CÉSAR GODÍNEZ AGUILAR



Instituto de Horticultura

CHAPINGO, MÉXICO, MAYO DE 2013



Instituto de Horticultura

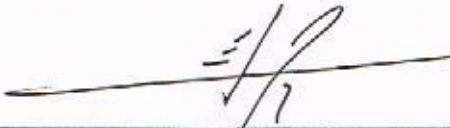
**CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y BÚSQUEDA DE GENES DE
RESISTENCIA EN JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) NATIVO DE
MÉXICO.**

Esta tesis fue realizada por Julio César Godínez Aguilar, bajo la dirección particular que se indica, ha sido aprobada por él mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

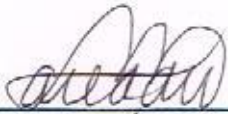
MAESTRÍA EN CIENCIAS EN BIOTECNOLOGÍA AGRICOLA

CONSEJO PARTICULAR

DIRECTOR:


DR. JUAN ENRIQUE RODRÍGUEZ PÉREZ

ASESOR:


DR. JAIME SAHAGÚN CASTELLANOS

ASESOR:


DRA. MARGARITA GISELA PEÑA ORTEGA

ASESOR:


DR. JUAN MARTÍNEZ SOLÍS

Chapingo estado de México, Mayo de 2013.

AGRADECIMIENTOS

Antes que nada a **Dios** por haberme permitido llegar hasta este punto de mi vida, por la paciencia en los momentos difíciles, y por ser una fuente constante de inspiración.

Al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología** por el financiamiento otorgado en mis estudios de posgrado.

A la **Universidad Autónoma Chapingo**, por haberme dado la oportunidad de pertenecer dos años en ella y fortalecer mi vacación ética, social y profesional que a partir de hoy me permitirá sin lugar a dudas enfrentar la vida y sugerir soluciones en el campo agrícola.

Al Dr. **Juan Enrique Rodríguez Pérez** por ser el director de este trabajo, por su interés y apoyo en el desarrollo de esta investigación y por el compromiso con mi formación académica.

A la Dra. **Gisela M. Peña Ortega**, quien fortaleció mi pasión por la genotecnia y quien me asesoró en momentos claves para la terminación de esta.

Al Dr. **Jaime Sahagún Castellanos** por brindarme su apoyo de calidad profesional y asesoramiento en la revisión de este trabajo.

Al Dr. **Juan Martínez Solís** por su experiencia y conocimiento brindado en la asesoría de esta tesis y en todo momento que lo necesite.

A **Ofelia Alejandra Mendoza García**, por el apoyo incondicional pese a los problemas que existieron entre nosotros, y por el logro de este título.

A los técnicos **Maritza y Ricardo** por su amistad, en especial al maestro Richard por la ayuda y el conocimiento compartido en el laboratorio.

Al Dr. **Agustín López Herrera**, por su amistad y por estar al pendiente de mi formación académica.

DEDICATORIA

A mis Padres

Francisco y Soledad por ser las personas a quienes siempre admiro, por sus sabios consejos, por los valores que tengo y por el apoyo constante.

A mis Hermanos

Rober, Pau y Yesi, quienes han estado conmigo en las buenas y en las malas, y han llenado mi vida de amor y alegría.

A mi segunda Familia

Mi querida tía Mary y mi tío Fer, a Luis y Paty, quienes un día abrieron las puertas de su hogar y su corazón para mí.

A un ángel que sin duda alguna está en el cielo, a ti Emiliano.

Sinceramente

Julio César Godínez Aguilar

BIOGRAFÍA DEL AUTOR

Originario de Mazatán Chiapas, nació el 12 de Abril de 1985.

En Mayo/2008 se graduó como Ingeniero Biotecnólogo de la Universidad Autónoma de Chiapas, ganó el primer lugar con el tema de tesis “Efecto de la Temperatura en la Cepa Mutante de Pupa Negra (*bp*) de *Anastrepha ludens* (Díptera: Tephritidae)”, dicha tesis la realizó en el Laboratorio de Séxado Genético dentro del programa Campaña Nacional de Moscas de la Fruta en Metapa de Domínguez Chiapas.

De Febrero/2009 a Diciembre del 2010, colaboró en el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, como prestador de servicio profesional en 4 proyectos dentro del estado de Chiapas y 1 en el estado de Guerrero, su labor como asistente de investigación contribuyó en la identificación de materiales elite para la producción de biocombustibles en México, a partir de la caracterización morfológica de bancos de germoplasma de *Recinnus comunnis* y *Jatropha curcas*. De la misma manera generó información para el registro varietal de la especie endémica *Agave cupreata*, así mismo aportó un protocolo para la micropropagación *in vitro* de agave a partir de endospermos.

Cuenta con experiencia para la exposición oral y trabajos de cartel en congresos nacionales e internacionales.

En Enero/2011 ingresó al Instituto de Horticultura de la Universidad Autónoma Chapingo para realizar estudios de Maestría en Biotecnología Agrícola.

ÍNDICE GENERAL

	PÁG.
ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURAS	iii
CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE JITOMATE (<i>Solanum lycopersicum</i> L.) NATIVO DE MÉXICO.....	iii
ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURAS	iv
BÚSQUEDA DE GENES DE RESISTENCIA A CUATRO PATÓGENOS DE JITOMATE (<i>Solanum lycopersicum</i> L.) NATIVO DE MÉXICO.....	iv
RESUMEN GENERAL	1
I. INTRODUCCIÓN GENERAL.....	2
II. OBJETIVO GENERAL.....	3
III. HIPÓTESIS GENERAL.....	3
CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE JITOMATE (<i>Solanum lycopersicum</i> L.) NATIVO DE MÉXICO.....	4
RESUMEN	4
I. INTRODUCCIÓN	5
II. OBJETIVO	6
III. HIPÓTESIS	6
IV. REVISIÓN DE LA LITERATURA	7
4.1 Importancia del jitomate a nivel mundial	7
4.2 Importancia del jitomate en México	7
4.3 Importancia del mejoramiento genético	7
4.4 Caracterización morfológica y mejoramiento genético.....	8
V. MATERIALES Y MÉTODOS.....	9
5.1 Localización del sitio experimental.....	9
5.2 Material experimental.....	9
5.3 Caracterización morfológica y diseño experimental	9
VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	13
6.1 Análisis de agrupamiento de variables cuantitativas.....	13
6.2 Análisis discriminante de variables cuantitativas.....	13
6.3 Descripción de grupos	16
6.4 Análisis de agrupamiento de variables cualitativas.....	17
6.5 Descripción de grupos	18
VII. CONCLUSIÓN.....	21
VIII. BIBLIOGRAFÍA	22
IX. ANEXOS.....	25
BÚSQUEDA DE GENES DE RESISTENCIA A CUATRO PATÓGENOS DE JITOMATE (<i>Solanum lycopersicum</i> L.) NATIVO DE MÉXICO	34
RESUMEN	34
I. INTRODUCCIÓN	35
II. OBJETIVO	36
III. HIPÓTESIS	36
IV. REVISIÓN DE LA LITERATURA	37
4.1 Importancia económica del jitomate	37

4.2 Importancia del locus <i>Mil-2</i> de <i>Meloidogyne incognita</i>	38
4.3 Importancia del locus <i>Tm-1</i> , <i>Tm2</i> y <i>Tm2²</i> en Virus del mosaico del tomate	38
4.4 Importancia del locus <i>Ve-1</i> y <i>Ve-2</i> de <i>Verticillium dahliae</i>	39
4.5 Importancia del locus <i>1</i> e <i>12</i> de <i>Fusarium oxysporum</i>	39
V. MATERIALES Y MÉTODOS.....	41
5.1 Localización del sitio experimental.....	41
5.2 Material experimental.....	41
5.3 Extracción de ADN	41
5.4 Evaluación de la cantidad y calidad de ADN	42
5.5 Caracterización molecular	43
5.6 Condiciones de reacción para la detección del gen de resistencia <i>Mil-2</i> a <i>Meloidogyne incognita</i>	45
5.7 Condiciones de reacción para la detección de los genes de resistencia <i>Tm-1</i> , <i>Tm-2/Tm2²</i> ensayo 1 y <i>Tm-2/Tm2²</i> ensayo 2 al Virus Mosaico del Tomate	45
5.8 Condiciones de reacción para la detección de los genes de resistencia <i>Ve-1</i> y <i>Ve-2</i> a <i>Verticillium dahliae</i>	46
5.9 Condiciones de reacción para la detección de los genes de resistencia a raza 0 I y raza 1 I2 de <i>Fusarium oxysporum</i>	46
VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	47
6.1 Búsqueda del gen de resistencia <i>Mil-2</i> a <i>Meloidogyne incognita</i>	47
6.2 Búsqueda del gen <i>Tm-1</i> de resistencia a Virus del mosaico del tomate.....	48
6.3 Búsqueda del gen <i>Tm-2/Tm2^c</i> “Ensayo 1” de resistencia a Virus del mosaico del tomate.	49
6.4 Búsqueda del gen <i>Tm2/Tm2^c</i> “Ensayo 2” de resistencia a Virus del mosaico del tomate	50
6.5 Búsqueda del gen <i>Ve-1</i> de resistencia a <i>Verticillium dahliae</i>	51
6.6 Búsqueda del gen <i>Ve-2</i> de resistencia a <i>Verticillium dahliae</i>	52
6.7 Búsqueda del gen de resistencia a <i>Fusarium oxysporum</i> Razas 0 y I	53
6.8 Búsqueda del gen de resistencia a <i>Fusarium oxysporum</i> Razas 1 y I2.	56
VII. CONCLUSIÓN.....	57
VIII. BIBLIOGRAFÍA	58

ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURAS

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) NATIVO DE MÉXICO.

CUADRO 1. 68 caracteres morfológicos seleccionados de la guía de descriptores de UPOV-IPGRI, 1996, evaluados en 101 colectas de jitomate nativo de México.	10
CUADRO 2. Vectores propios de variables y funciones discriminantes generadas a partir de 23 descriptores cuantitativos de tres grupos de colectas de jitomate (<i>S. lycopersicum</i>) nativos de México.....	14
CUADRO 3. Promedios y prueba Tukey ($\alpha \leq 0.05$) para 23 caracteres cuantitativos de la guía de UPOV.....	16
CUADRO 4. Forma de fruto y colores encontrados en la caracterización de 101 accesiones de jitomate (<i>S. lycopersicum</i>) nativo de México.	20
CUADRO 5. Moda de 21 descriptores categóricos de 3 grupos de colectas de jitomate (<i>S. lycopersicum</i> L.) nativos de México.....	25
CUADRO 6. Modas de 24 descriptores ordinales de tres grupos de colectas de jitomate (<i>S. lycopersicum</i>) nativos de México.	27
CUADRO 7. Medias de 23 descriptores cuantitativos del grupo uno de jitomate (<i>S. lycopersicum</i>) nativo de México.....	30
CUADRO 8. Medias de 23 descriptores cuantitativos del grupo dos de jitomate (<i>S. lycopersicum</i>) nativo de México.....	32
CUADRO 9. Medias de 23 descriptores cuantitativos del grupo tres de jitomate (<i>S. lycopersicum</i>) nativo de México.....	33
FIGURA 1. Dendrograma determinado por el método de Ward, con 23 caracteres cuantitativos.....	13
FIGURA 2. Agrupamiento de 101 colectas de jitomate nativo de México, LP=Longitud de pedúnculo, FRG=Frutos grandes, FLG=Flores grandes, FRC=Frutos chicos, FLC=Flores chicas. +LS=Mayor Longitud de sépalo, +LE=Mayor longitud de estambre, +PF=Mayor peso de fruto, +LF=Mayor longitud de fruto, +AF=Mayor anchura de fruto, +ACP=Mayor anchura de la cicatriz del pedicelo, +TN=Mayor tamaño del núcleo, y viceversa.....	16
FIGURA 3. Dendrograma de 101 colectas de jitomate nativo de México generado con la disimilitud de Gower y mínima varianza de Ward.....	18
FIGURA 4. Jitomates nativos presentes en 101 accesiones, A, B y C=Cherry naranja, rosado y amarillo, respectivamente. D y E=Cereza naranja y Verde, F=Arriñonado rojo y G=Arriñonado rosado.	19

INDICE DE CUADROS Y FIGURAS

BÚSQUEDA DE GENES DE RESISTENCIA A CUATRO PATÓGENOS DE JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) NATIVO DE MÉXICO

CUADRO 1. Iniciadores utilizados en 101 colectas de *S. lycopersicum*, amplificación de productos y condiciones de PCR..... 44

FIGURA 1. Gel de agarosa al 0.8 % para la prueba de calidad de ADN..... 42

FIGURA 2. Patrón de bandeo de los iniciadores PMiF3 y PMiR3 para la identificación del gen de resistencia *Mil-2* a *M. incognita*, en 101 accesiones de jitomate nativo. R= Resistencia, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad comercial “Kenton” y B=Blanco..... 47

FIGURA 3. Patrón de bandeo de los iniciadores SCN20F, SCN20R, Lat-1F y Lat-1R para la identificación del gen de resistencia *Tm-1* a Virus del mosaico del tomate en 101 accesiones de jitomate nativo. C = Control externo del iniciador, Vk= Variedad “Kenton” y B=Blanco. 48

FIGURA 4. Patrón de bandeo de los iniciadores TMV-2262F, TMV-2678R, SNP 2494F y SNP 2493R para la identificación del gen de resistencia *Tm2/Tm2^c* “ensayo 1” a Virus del mosaico del tomate en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco..... 49

FIGURA 5. Patrón de bandeo de los iniciadores TM2 748F, TM2 1256R, SNP1misR y SNP1misF para la identificación del gen de resistencia *Tm2/Tm2^c* “ensayo 2” a Virus del mosaico del tomate en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco..... 50

FIGURA 6. Patrón de bandeo de los iniciadores Ve1_2072F, Ve1_2651R, SNP2199Ft, SNP2199Ra, SNP2199F1a y SNP2199R1a para la identificación del gen de resistencia *Ve-1* a *V. dahliae* en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco. 52

FIGURA 7. Patrón de bandeo de los iniciadores Ve2_2720F, Ve2_3040R, SNP2827F y SNP2827R para la identificación del gen de resistencia *Ve-2* a *V. dahliae* en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco..... 53

FIGURA 8. Patrón de bandeo de los iniciadores At2-R3, At2-F3, Lat 1-F y Lat2-R para la identificación del gen de resistencia a *F. oxysporum* raza 0 y I en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, Vk= Variedad “Kenton” y B=Blanco..... 54

FIGURA 9. Patrón de bandeo de los iniciadores Z1063F, Z1063R, Rub-F y Rub-R para la identificación del gen de resistencia a *F. oxysporum* razas 1 y I2 en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, VK=Variedad “Kenton” y B=Blanco..... 56

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA Y BÚSQUEDA DE GENES DE RESISTENCIA A ENFERMEDADES DE JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) NATIVO DE MÉXICO

MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION AND SEARCH OF DISEASE RESISTANCE GENES OF TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.) MEXICO NATIVE

J C Godínez-Aguilar, J E Rodríguez-Pérez

RESUMEN GENERAL

En México, la colecta, caracterización, conservación y aprovechamiento de los recursos fitogenéticos es de gran importancia en especies de jitomate, debido a esto, el objetivo de esta investigación fue caracterizar morfológicamente 101 colectas de jitomate nativo, con base en 68 descriptores la guía UPOV y detectar genes de resistencia por medio de marcadores genéticos moleculares a cuatro fitopatógenos de este cultivo: *Meloidogyne incognita*, Virus del mosaico del tomate, *Verticillium dahliae* y *Fusarium oxysporum*. Los resultados moleculares solo detectaron genes de resistencia a *F. oxysporum* razas 0 y 1, en 13 colectas nativas procedentes de diferentes lugares de México, estas colectas presentaron una banda polimórfica de 130 pb, generado por la amplificación de los iniciadores dominantes At2-F3 y At2-R3. La poca disponibilidad de resistencia genética en esta población, se puede deber a que los genes buscados, es decir, patógenos específicos presentes en cultivos que no necesariamente habitan en condiciones naturales ya que comúnmente se asocian a explotaciones comerciales. Respecto a la caracterización morfológica, se determinó que existe variabilidad genética por la clara separación de tres grupos debido principalmente a las características de fruto, forma, color y tamaño. Estos resultados son de interés para un programa de mejoramiento, ya que las colectas poseen un potencial de diversidad morfológico y al menos se detectó un gen de resistencia al patógeno *F. oxysporum* razas 0 y 1.

Palabras clave: *Solanum lycopersicum*, resistencia a enfermedades, resistencia a *Fusarium*

GENERAL ABSTRACT

In Mexico, the collection, characterization, conservation and use of plant genetic resources is of great importance in tomato species. Because of this, the objectives of this research were to characterize morphologically 101 native tomato collections, based on 68 descriptors given in the UPOV guide, and to detect, through molecular genetic markers, genes conferring resistance to four pathogens of this crop: *Meloidogyne incognita*, tomato Mosaic Virus, *Verticillium dahliae* and *Fusarium oxysporum*. The molecular results in 13 native collections from different parts of Mexico detected only genes resistant to *F. oxysporum* races 0 and 1; these collections exhibited a polymorphic band of 130 bp, generated by amplification of the key initiators At2 -F3-R3 and At2. The limited availability of genetic resistance in this population may be due to the fact that the genes sought, that is, the specific pathogens associated with commercial farms may not necessarily be present in natural conditions. Morphological characterization determined that there is clear genetic variation for division into three groups, differentiated mainly by fruit traits: shape, color and size. These results are of interest to breeding programs because the collections have the potential of morphological diversity, and at least one gene conferring resistance to the pathogen *F. oxysporum* races 0 and 1 was detected.

Key words: *Solanum lycopersicum*, disease resistance, resistance to *Fusarium*

I. INTRODUCCIÓN GENERAL

La importancia económica a nivel mundial del jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) es considerable (Faostat, 2011). Este cultivo es nativo de América del sur y su distribución en México ha sido relativamente reciente como centro de domesticación (Rick y Holle, 1990).

México es considerado como centro de domesticación y diversificación del jitomate rojo cultivado (Jenkins, 1948; Rick y Fobes, 1975; Peralta y Spooner, 2007). Las diversas exploraciones realizadas indican que *Solanum lycopersicum* se distribuye en los trópicos, subtrópicos y regiones semi-secas del país, desde el Estado de Sinaloa (Sánchez-Peña *et al.*, 2006) hasta la península de Yucatán (Nuez y Pico, 1997). No obstante que existe amplia distribución, hay poca documentación del potencial genético y su aprovechamiento directo o como fuente de genes para el mejoramiento.

Estudios recientes en México del potencial y diversidad genética de poblaciones nativas fueron realizados por Álvarez-Hernández *et al.*, (2009). Dicha variabilidad genética de estas poblaciones nativas se debe principalmente a que siempre están sometidas a diferentes condiciones ambientales, suelos y principalmente a enfermedades (Warnock, 1988).

La basta diversidad genética dentro de la que destacan los genes de resistencia a condiciones adversas ambientales y a fitopatógenos derivado del proceso evolutivo, son componentes básicos para lograr establecer con éxito un programa de mejoramiento genético. En este sentido, se han estudiado poblaciones de jitomate, y se ha determinado resistencias genéticas a enfermedades y plagas (Jinsin, 1999; Resende *et al.*, 2002) adaptación a diversas condiciones ambientales, resistencias a sequía, resistencias a altas concentraciones de salinidad y alcalinidad (Hoyt, 1992; Foolad, 2003; Foolad *et al.*, 2004), calidad nutricional, contenido de sólidos, y precocidad (Lindhout, 2005).

También se han reportado genes como: *Mi-1* (Milligan *et al.*, 1998) y *Mi-3* (Yaghoobi *et al.*, 1995) presentes inicialmente en jitomate nativo (*S. peruvianum*) e introducidos por cruce directa en jitomate cultivado (*S. lycopersicum*); así como el gen *Mi-9* presente en la especie *Solanum arcanum* (Jablonska *et al.*, 2007), como los responsables de conferir resistencia genética al nemátodo formador de nudo *Meloidogyne* spp. en cultivos solanáceos (Williamson *et al.*, 1994; Kaloshian *et al.*, 1998; Ammiraju *et al.*, 2003). Así

mismo se registran estudios como la detección por marcadores SCAR y PCR del gen de resistencia al virus del mosaico del tomate *Tm-2* (Sandoval, 2007).

Las necesidades actuales demandan el empleo de nuevas tecnologías que permitan controlar específicamente enfermedades y contribuir al mejoramiento genético de nuevas variedades. Ante esta necesidad, la biotecnología y los marcadores moleculares han jugado un papel muy importante, para evidenciar estos caracteres intrínsecos.

Ante la disponibilidad de herramientas moleculares, las evidencias genéticas de resistencia a enfermedades en poblaciones nativas, y la necesidad de obtener materiales como base del programa de mejoramiento en este cultivo, se planteó la búsqueda de genes de resistencia a los patógenos: Mi, ToMV, Ve y Fo en 101 accesiones de jitomate nativo de México, así mismo se realizó un estudio introspectivo de caracterización morfológica en base a la guía varietal UPOV, para conocer paralelamente la fuente de variación intraespecífica, y su potencial de diversidad genética como fuentes promisorias del programa de mejoramiento de jitomate de la UACH.

II. OBJETIVO GENERAL

Estudiar la variabilidad genética de 101 colectas de jitomate nativo de México mediante su caracterización morfológica con base en 68 descriptores de la guía UPOV y realizar la búsqueda de genes de resistencia a cuatro patógenos fitopatógenos (*Meloidogyne incognita*, Virus del mosaico del tomate, *Verticillium dahliae*, y *Fusarium oxysporum* marcadores moleculares mediante marcadores genéticos moleculares con fines de conservación y empleo en programas de mejoramiento genético.

III. HIPÓTESIS GENERAL

Debido a la diversificación genética del jitomate ocurrida en México por su amplia distribución ecológica, será posible identificar diferentes grupos de colectas, así como genes de resistencia a enfermedades comunes del cultivo.

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) NATIVO DE MÉXICO

MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.) MEXICO NATIVE

J C Godínez-Aguilar, J E Rodríguez-Pérez.

RESUMEN

El objetivo de esta investigación fue caracterizar morfológicamente 101 colectas de jitomate nativo por medio de 68 caracteres morfológicos de la guía varietal de UPOV, para identificar variabilidad genética. El empleo de caracteres morfológicos con escalas de medición cualitativa y cuantitativa, permitió realizar agrupaciones coherentes y coincidentes entre ambos conjuntos. Dichas agrupaciones evidenciaron tres grandes grupos, el grupo uno presentó 53 fenotipos, el grupo dos se determinó con 27 y el grupo tres con 21. Todos los fenotipos fueron diferenciados por características de fruto, forma, color y tamaño. Se determinó la existencia de variabilidad intraespecífica de especies de *Solanum lycopersicum* procedentes de varios estados de la república. Asimismo, se determinó que no existió asociación entre el origen de las colectas y los grupos generados. Los resultados obtenidos pueden ser registrados en los bancos de germoplasma y será posible establecer métodos estratégicos de conservación.

Palabras clave: *Solanum lycopersicum*, caracterización morfológica, diversidad genética.

ABSTRACT

The objective of this research was to characterize morphologically 101 collections using 68 morphological characters of the UPOV varietal guide to identify genetic variability. Measuring morphological traits with qualitative and quantitative scales enabled coherent and coincident clustering between the two sets. These clusters showed three groups: group one included 53 phenotypes, group two was comprised 27 and group three 21. All phenotypes were differentiated by fruit, shape, color and size. We determined the existence of intraspecific variability of species of *Solanum lycopersicum* from several Mexican states. It was also determined that there was no association between the origin of the collections and the groups generated. The results obtained will be registered in germplasm banks to be available for establishing strategic conservation methods.

Key words: *Solanum lycopersicum*, morphological characterization, genetic variability.

I. INTRODUCCIÓN

Solanum lycopersicum L. es una especie considerada nativa de América del Sur y domesticada en México (Rick y Holle, 1990). La clasificación taxonómica ha sido controvertida desde el siglo XVII, parte desde Linneo en 1753, sin embargo Peralta y Spooner, (2000) a través de estudios moleculares, han demostrado que el jitomate y la papa están filogenéticamente relacionados, y apoyan a la inclusión del jitomate dentro del género *Solanum*.

El jitomate nativo puede crecer a nivel del mar, hasta los 3,300 msnm, incluyendo zonas áridas y húmedas de la costa del pacifico hasta tierras altas de los Andes; esta adaptación a diferentes ambientes, climas, suelos y enfermedades, ha contribuido a la variabilidad genética de la población nativa (Warnock, 1988). Y su amplia distribución ha permitido el desarrollo de diferentes caracteres que permiten responder a factores bióticos y abióticos, por lo que la variación al ambiente es uno de los factores que influyen directamente en la variabilidad biológica (Ramanatha Rao y Hodgkin, 2002).

México es una zona geográfica que tiene un nivel elevado de diversidad genética de esta población nativa (Álvarez-Hernández *et al.*, 2009). Por lo que es necesario, identificar, caracterizar, aprovechar y preservar estos recursos fitogenéticos. Debido a que en estos se presentan caracteres genéticos de interés agronómico tales como: resistencias a enfermedades y plagas (Fuchs *et al.*, 1997; Jinsin, 1999; Resende *et al.*, 2002) adaptación a diversas condiciones ambientales, resistencias a sequía, resistencias a altas concentraciones de salinidad y alcalinidad (Hoyt, 1992; Foolad, 2003; Foolad *et al.*, 2004), calidad nutricional, contenido de sólidos, y precocidad (Lindhout, 2005).

Evidenciar los caracteres favorables en poblaciones nativas de jitomate y aplicarlos en los programas de mejoramiento genético, es un proceso tedioso ya que implica demasiado tiempo y espacio, manejo de recursos fitogenéticos, e inicialmente, su caracterización morfológica.

Los estudios de caracterización morfológica se pueden basar en caracteres cualitativos y cuantitativos (González-Andrés, 2001). Actualmente la caracterización morfológica por medio de descriptores permite la discriminación entre fenotipos. A través de caracteres altamente heredables, que pueden ser detectados a simple vista y se expresan de forma similar en todos los ambientes donde se establece la planta. Además, pueden incluir

caracteres adicionales que son deseables según el consenso de los usuarios de un cultivo en particular (UPOV, 1992).

Dicha caracterización y evaluación de los materiales permite conservar y formar colecciones núcleo, estas a su vez tienen como objetivo aumentar y mejorar la utilización de los recursos fitogenéticos, impulsar trabajos de premejoramiento y fitomejoramiento mediante la identificación de muestras útiles o de sus genes para su introducción en los programas de potenciación genética e identificar germoplasma de valor potencial para su utilización.

Una vez identificadas las colecciones núcleo, pueden ser conservadas en Bancos de Germoplasma. Sin embargo, la mayoría de estas accesiones no se han evaluado debidamente, lo que impide el aprovechamiento de todo su valor.

II. OBJETIVO

El objetivo de la presente investigación fue caracterizar morfológicamente, con base en la guía de UPOV, 101 colectas de Jitomate nativo de México con el fin de proporcionar una conservación y aprovechamiento adecuado.

III. HIPÓTESIS

Debido a que las colectas de jitomate nativo provienen de diferentes áreas geográficas de México se espera encontrar variabilidad genética.

IV. REVISIÓN DE LA LITERATURA

4.1 Importancia del jitomate a nivel mundial

El jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) es una especie importante a nivel mundial ya que en el 2009 se alcanzó una producción de 150 956 115 toneladas (Faostat, 2011). Este cultivo ha sido considerado nativo del oeste de América y su distribución en México ha sido relativamente reciente (Rick y Holle, 1990).

4.2 Importancia del jitomate en México

México es considerado como centro de domesticación y diversificación del tomate rojo cultivado (Jenkins, 1948; Rick y Fobes, 1975; Peralta y Spooner, 2007). Y cuenta con una amplia diversidad de parientes silvestres de jitomate, entre los que se mencionan: *Solanum cheesmaniae* (R. Riley) Fosberg; *S. pimpinellifolium* L.; *S. chmielewskii* (C. M. Rick, Kesicki, Fobes & Holle) D. M. Spooner, G. J. Anderson & R. K. Cansen; *S. neorickii* (C. M. Rick, Kesicki, Fobes & M. Holle) D. M. Spooner, G. J. Anderson & R. K. Jansen (*L. parviflorum*); *S. habrochaites* S. Knapp & D. M. Spooner (*L. hirsutum*); *S. chilense* (Dunal) Reiche; *S. peruvianum* L. y *S. penelli* Correll (Peralta *et al.*, 2005).

Las diversas exploraciones realizadas indican que *Solanum lycopersicum* se distribuye en los trópicos, subtrópicos y regiones semi-secas del país, desde el Estado de Sinaloa (Sánchez-Peña *et al.*, 2006) hasta la península de Yucatán (Nuez y Pico, 1997).

4.3 Importancia del mejoramiento genético

No obstante que existe amplia distribución, hay poca documentación del potencial genético y su aprovechamiento directo o como fuente de genes para el mejoramiento. Estudios recientes en México del potencial y diversidad genética de poblaciones nativas fueron reportados por Álvarez-Hernández *et al.*, (2009). Dicha variabilidad genética de estas poblaciones nativas se debe principalmente a que siempre están sometidas a diferentes condiciones ambientales, suelos y principalmente a enfermedades (Warnock, 1988). La basta diversidad genética y los genes de resistencia a condiciones ambientales y enfermedades derivado del proceso evolutivo, son componentes básicos para lograr establecer con éxito un programa de mejoramiento genético.

4.4 Caracterización morfológica y mejoramiento genético.

Actualmente los programas de mejoramiento genético buscan, además de mejorar productividad y adaptación, incorporar alta calidad nutricional y resistencia a patógenos a las variedades, a través de introgresión, retrocruzamientos (Zamir *et al.*, 1999; Schauer *et al.*, 2006). El uso de germoplasma silvestre se inició en Estados Unidos desde 1930 (Rick, 1986), pero poco se hace en México al respecto. Antes de promover su utilización en el mejoramiento del tomate, es necesario conocer la variabilidad genética que se conserva in situ y para ello se cuenta con guías de descriptores varietales de UPOV (Molina y Córdoba, 2006).

V. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1 Localización del sitio experimental

El presente trabajo se realizó en las instalaciones de la Universidad Autónoma Chapingo (UACH), localizada en Texcoco, Estado de México, (19° 20' 34.61" LN y 98° 53'06.93" LO, a 2269 msnm).

5.2 Material experimental

Dentro del programa de mejoramiento genético de jitomate de la UACH, se realizaron 101 colectas de jitomates nativos (*S. lycopersicum* L.) en los estados de Oaxaca, Guerrero, Chiapas, Veracruz, Hidalgo, Michoacán y Guanajuato.

5.3 Caracterización morfológica y diseño experimental

La investigación se estableció bajo condiciones de invernadero con sistema hidropónico y fertirrigación mediante solución nutritiva (Steiner, 1961). La siembra se realizó el 01/Febrero/2011 en charolas de poliuretano de 200 cavidades con sustrato de turba. Treinta días después cada planta se trasplanto en una bolsa de plástico de 12.5 L con arena volcánica (tezontle). Cada maceta con una planta se consideró como unidad experimental, el diseño experimental fue bloques completos al azar con 8 repeticiones.

La caracterización morfológica se realizó con 68 descriptores de la guía UPOV-IPGRI (1996) para jitomate (Cuadro 2), relativos de planta, hoja, inflorescencia y fruto, y se dividieron de acuerdo con tres escalas de medición: categóricos, ordinales y cuantitativos. Para el caso de variables categóricas y ordinales se realizó un análisis de agrupamiento (AA), con el empleo de la matriz de disimilitud generadas a partir de las distancias de Gower. El dendrograma se generó con el algoritmo de mínima varianza de Ward.

En un segundo análisis, los caracteres cuantitativos, fueron estandarizados y se generaron distancias euclidianas elevadas al cuadrado; con ellas se construyó el dendrograma con el método de mínima varianza de Ward. La altura de corte se determinó mediante el criterio cúbico de agrupamiento y la pseudoestadística t^2 de Hotelling (Johnson, 2000). Posteriormente, se aplicó el análisis multivariado discriminante (AD), donde se empleó como variable categórica los grupos generados por el AA.

CUADRO 1. 68 caracteres morfológicos seleccionados de la guía de descriptores de UPOV-IPGRI, 1996, evaluados en 101 colectas de jitomate nativo de México.

Carácter	Escala	Valores
Planta		
1.-Hábito de crecimiento	Cat	1=Enana 2=Determinada 3=Semideterminada 4=Indeterminada
2.-Tamaño de planta	Ord	1=Pequeña 2=Intermedia 3=Larga
3.-Longitud de planta	Cuant	Cm
4.- Anchura del follaje	Cuant	cm
5.-Densidad de pubescencia de tallo	Ord	1=Dispersa 2=Intermedia 3=Densa
6.-Longitud de entrenudo	Cuant	cm
7.-Tamaño del entrenudo	Ord	1=Pequeña 2=Intermedia 3=Larga
8.-Diámetro del tallo	Cuant	cm
9.-Densidad de follaje	Ord	1= Dispersa 2= Intermedia 3= Densa
Hoja		
10.-Número de hojas debajo de la 1ª inflorescencia	Cuant	Número
11.-Densidad de hojas	Ord	1=Poco 2=Mediano 3=Muy Denso
12.-Color	Cat	1=Verde claro 2=Verde 3=Verde Oscuro
13.-Posición de hoja	Ord	1= Semierecta 2= Horizontal 3= Caída
14.-Tipo de hoja	Cat	1= Pequeña 2= Tipo papa 3= Estándar 4= <i>Peruvianum</i> 5= <i>Pimpenellifolium</i> 6= <i>Hirsutum</i> 7= Otro
15.-Grado de disección de la hoja	Ord	1=Baja 2=Intermedia 3=Alto
16.-Coloración antocianinica de venas	Bin	1=Venas Obscuras 2=Normales claras
17.-Longitud	Cuant	cm
18.-Anchura	Cuant	cm
19.-Tamaño	Ord	1=Corta 2=Media 3=Larga
Flor		
20.-Tipo de inflorescencia	Ord	1=Generalmente uníparo 2=Ambos 3=Generalmente múltiparo
21.-Color de corola	Cat	1=Blanco 2=Amarilla 3=Naranja 4=Otros
22.-Tipo de la corola	Bin	1=Abierta 2=Cerrada
23.-Tipo de esterilidad de flor	Cat	1=Acaulescente 2=Funcional 3=Polen
24.-Longitud del pétalo	Cuant	cm
25.-Longitud de sépalo	Cuant	cm
26.-Posición estilo	Ord	1=Insertado 2= mismo nivel del estambre 3=Ligeramente sobresaliente al estambre 4=Altamente sobresaliente al estambre

CUADRO 1. Continuación

Caracteres	Escala	Valores
27.-Forma del estilo	Cat	1=Simple 2=Fasciado 3=Dividido
28.-Pubescencia de estilo	Bin	0=Ausente 1=Presente
29.-Longitud estambre	Cuant	mm
30.-Dehiscencia de la antera	Bin	1=Poricida 2=Longitudinal
Fruto		
31.-Color externo de fruto inmaduro	Cat	1=Blanco-verde 2=Verde claro 3=Verde 4=Verde obscuro
32.-Líneas verdes en hombro	Bin	0=Ausente 1=Presente
33.-Intensidad de hombros verdes	Ord	1=Ligera 2=Intermedia 3=Fuerte
34.-Pubescencia	Ord	1=Dispersa 2=Intermedia 3=Densa
35.-Forma predominante	Cat	1=Achatado, 2=Ligeramente achatado, 3=Redondo 4=Redondeado 5=Forma de corazón 6=Cilíndrico 7=Piriforme 8=Elipsoide 9=Otro
36.-Tamaño fruto maduro	Ord	1=Muy pequeño 2=Pequeño 3=Intermedio 4=grande 5=Muy grande
37.-Homogeneidad de tamaño	Ord	1= Bajo 2= Intermedio 3= Alto
38.-Peso del fruto	Cuant	cm
39.-Longitud	Cuant	cm
40.-Anchura	Cuant	cm
41.-Color exterior del fruto maduro	Cat	1=Verde 2=Amarillo 3=Naranja 4=Rosado 5=Rojo
42.-Intensidad del color exterior	Ord	1=Poca 2=Intermedia 3=Mucha
43.-Forma secundaria	Cat	1=Achatado, 2=Ligeramente achatado, 3=Redondo 4=Redondeado 5=Forma de corazón 6=Cilíndrico 7=Piriforme 8=Elipsoide 9=Otro
44.-Nervaduras en borde del cáliz	Ord	1=Muy débil 2=Débil 3=Intermedia 4=Fuerte
45.-Facilidad para separar fruto del pedicelo	Ord	1= Bajo 2= Intermedio 3= Alto
46.-Forma del hombro del fruto	Ord	1=Aplanada 2=Ligeramente Hundida 3=Moderadamente Hundida 4=Muy hundida
47.-Longitud del pedicelo	Cuant	mm
48.-Longitud del pedicelo desde la capa de abscisión	Cuant	mm
49.-Presencia del pedicelo sin unión	Bin	1=Presente 2=Ausente
50.-Ancho de la cicatriz del pedicelo	Cuant	mm
51.-Tamaño de zona corchosa alrededor de la cicatriz del pedicelo	Cuant	mm
52.-Facilidad para pelar fruto (piel)	Ord	1=Poca 2=Intermedia 3=Mucha
53.-Color de la piel del fruto maduro	Bin	1=Incolora 2=Amarilla
54.-Grosor de la piel	Cuant	mm
55.-Grosor del pericarpio	Cuant	mm
56.-Color de carne (pericarpio)	Cat	1=Verde 2=Amarillo 3=Anaranjado 4=Rosa 5=Rojo 6=Otro
57.-Intensidad del color de la carne	Ord	3=Ligero 5=Intermedio 7=Obscuro
58.-Color del corazón del fruto	Cat	1=Verde 2=Blanco 3=Claro 5=Intermedio 7=Obscuro

CUADRO 1. Continuación

Caracteres	Escala	Valores
59.-Forma del corte transversal del fruto	Cat	1=Redondo 2=Angular 3=Irregular
60.-Tamaño del núcleo	Cuant	mm
61.-Número de lóculos	Cuant	Número
62.-Forma de la cicatriz del pistilo	Cat	1=Punto 2=Estrella 3=Lineal 4=Irregular
63.-Forma del terminal de la floración	Ord	1=Indentada 2=Aplanada 3=Puntiaguda
64.-Condición de la cicatriz del terminal de la floración	Cat	1=Abierta 2=Cerrada 3=Ambas
65.-Firmeza del fruto	Ord	1=Débil 2=Intermedio 3=Firme
66.-Número de frutos por racimo	Cuant	Número
67.-Número de flores por racimo	Cuant	Número
68.-Numero de racimos por planta	Cuant	Número

Cat=Categórica, Cuant=Cuantitativa, Ord=Ordinal y Bin=Binaria.

Para realizar el análisis estadístico se empleó el paquete computacional Sistema de análisis estadístico (SAS) versión 9.0.

VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

6.1 Análisis de agrupamiento de variables cuantitativas

Con respecto al dendrograma generado a partir de las distancias euclidianas los caracteres cuantitativos, determinada por los índices CCC y la pseudoestadística t^2 de Hotelling indicaron que el número de grupos a conformar ocurrían entre 2 y 3; y se eligieron 3, con altura de corte de 0.050 de r^2 semiparcial (Figura 1).

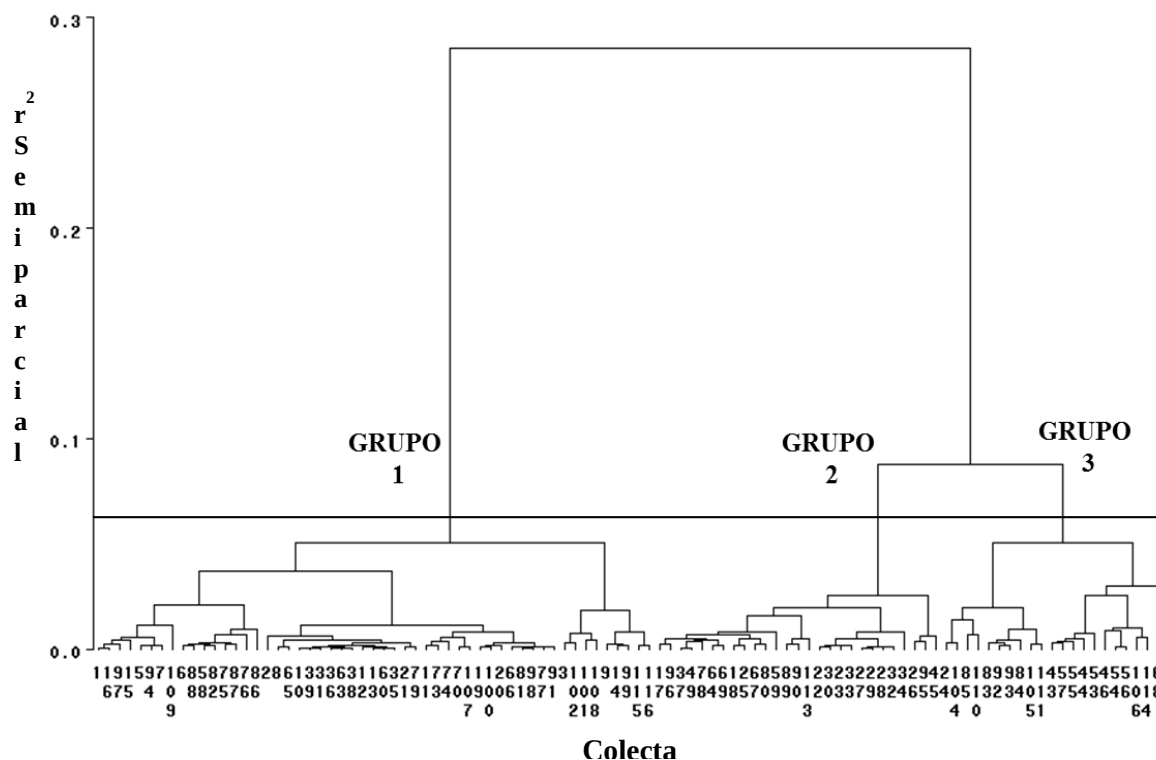


FIGURA 1. Dendrograma determinado por el método de Ward, con 23 caracteres cuantitativos.

6.2 Análisis discriminante de variables cuantitativas

Para corroborar las agrupaciones generadas por el análisis de agrupamiento (AA) y determinar las variables que fueron las que se asociaron a dichos grupos, se realizó un análisis discriminante (AD). Los caracteres cuantitativos generaron dos variables discriminantes con valores propios de 94.8 y 79.6, variabilidad individual explicada de 83.8 y 16.2 %, respectivamente y diferente de cero ($\alpha \leq 0.01$). Las distancias de Mahalanobis entre centroides de grupos fueron estadísticamente diferentes de cero ($\alpha \leq 0.01$), lo que indicó que las agrupaciones fueron correctas.

Los vectores propios y funciones discriminantes de (Cuadro 2) determinaron que la primer variable discriminante (VD1) tuvo mayor asociación positiva con la longitud del pétalo, la longitud del sépalo, longitud del estambre, peso de fruto, longitud de fruto, anchura de fruto, ancho de la cicatriz del pedicelo, tamaño de zona corchosa alrededor de la cicatriz del pedicelo, así mismo con aquellos frutos que presentaron mayor grosor de pericarpio y mayor tamaño de núcleo. En términos prácticos, los valores de VD1, indican plantas con dimensiones, estructuras y flores grandes y viceversa también. La segunda variable discriminante (VD2) asoció valores altos de longitud del pedicelo, longitud del pedicelo desde la capa de abscisión, y mayor tamaño del núcleo, es decir, altos valores de VD2 implican plantas con pedicelo y núcleo del fruto grandes y viceversa.

CUADRO 2. Vectores propios de variables y funciones discriminantes generadas a partir de 23 descriptores cuantitativos de tres grupos de colectas de jitomate (*S. lycopersicum*) nativos de México.

Variable	Vectores Propios		Funciones Discriminantes		
	VD1	VD2	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3
			-258.39	-252.85	-268.43
X4 Anchura de follaje (cm)	-0.21	-0.21	0.26	0.30	0.18
X6 Longitud del entrenudo del tallo (mm)	0.19	0.20	1.55	1.50	1.53
X8 Diámetro del tallo (mm)	0.002	-0.38	4.24	3.76	4.48
X10 Número de hojas	-0.37	-0.31	2.19	2.02	2.79
X17 Longitud hoja (cm)	-0.14	-0.29	2.69	2.14	2.04
X18 Anchura hoja (cm)	-0.29	0.29	-0.09	0.28	0.20
X24 Longitud del pétalo (mm)	0.43	0.27	4.37	4.59	4.27
X25 Longitud del sépalo (mm)	0.67	0.34	-1.56	-0.51	-0.33
X29 Longitud del estambre (mm)	0.66	0.23	3.50	3.60	2.38
X38 Peso del fruto (g)	0.90	-0.09	-1.06	-0.96	-0.13
X39 Longitud (mm)	0.85	-0.09	1.17	0.53	-0.34
X40 Anchura (mm)	0.90	0.05	1.08	1.63	1.78
X47 Longitud del pedicelo (cm)	0.032	0.52	-1.92	-1.74	-1.80
X48 Long. del pedicelo de capa de abscisión(cm)	0.007	0.61	3.43	3.43	3.38
X50 Ancho de la cicatriz del pedic. (mm)	0.88	0.006	2.30	2.18	2.45
X51 Tamaño de la zona corchosa (mm)	0.89	-0.12	-1.70	-0.98	1.21
X54 Grosor de la piel (mm)	0.44	-0.07	-1.84	-1.75	-0.71
X55 Grosor del pericarpio (mm)	0.61	-0.10	-2.14	-1.28	2.25
X60 Tamaño del núcleo (mm)	0.74	0.70	-0.0003	0.30	0.30
X61 Número de lóculos	0.55	0.31	3.18	3.00	2.64
X66 Número de flores	0.26	0.35	2.02	1.91	0.87
X67 Número de frutos	0.40	0.46	-1.96	-1.30	-0.80
X68 Número de racimos	-0.72	0.25	9.80	9.54	6.46

Las siete variables cuantitativas que presentaron diferencias entre grupos ($\alpha \leq 0.05$) fueron: longitud del estambre, peso, longitud y anchura de fruto, ancho de la cicatriz del pedicelo,

tamaño de la zona corchosa y tamaño del núcleo. Las variables que no presentaron diferencias entre grupos fueron anchura de follaje y longitud del tallo (Cuadro 3). De estas siete únicamente el peso, longitud y anchura de fruto, pueden ser comparadas con la misma capacidad discriminante que han diferenciado otras poblaciones de jitomate nativo en Michoacán y Oaxaca (Álvarez-Hernández *et al.*, 2009; Carrillo y Chávez 2010).

Cabe mencionar que aunque las siete variables han sido fundamentales para la diferenciación entre genotipos, en este trabajo, los promedios para peso fluctuaron en intervalos mayores y menores a los reportados por los autores antes mencionados, una probable explicación a este fenómeno puede ser que el efecto de la soluciones nutritivas haya contribuido en la ganancia de peso y la calidad de frutos, sin embargo, las medidas de diámetro polar y ecuatorial del fruto permanecieron constantes y no mayores a 2 cm para el caso de accesiones de *S. lycopersicum* variedad ceraciforme y para el caso de accesiones nativas de variedad arriñonada los valores se han reportado entre 3 y 4 cm, dichos valores constatan dos variedades claramente diferenciadas como grupo 1 y grupo 3 (Cuadro 3). Por otro lado la variación encontrada en los siete caracteres cuantitativos, podrían indicar que las poblaciones nativas estudiadas en este trabajo, poseen un potencial de diversidad mayor a los reportados anteriormente por Álvarez-Hernández *et al.*, (2009); Carrillo y Chávez (2010).

En la Figura 2 se observa los tres grupos, con base a las variables discriminantes. El grupo 1 se puede determinar que poseen frutos pequeños de color naranja, longitud de pedicelo corto, menor tamaño del núcleo (Figura 4A), el grupo 2 se define con frutos medianos achatados de color rojo, longitud del pedicelo y tamaño del núcleo intermedia (Figura 4F), el grupo 3 presentó frutos grandes de color rosado, mayor longitud del pedicelo y mayor tamaño del núcleo (Figura 4G).

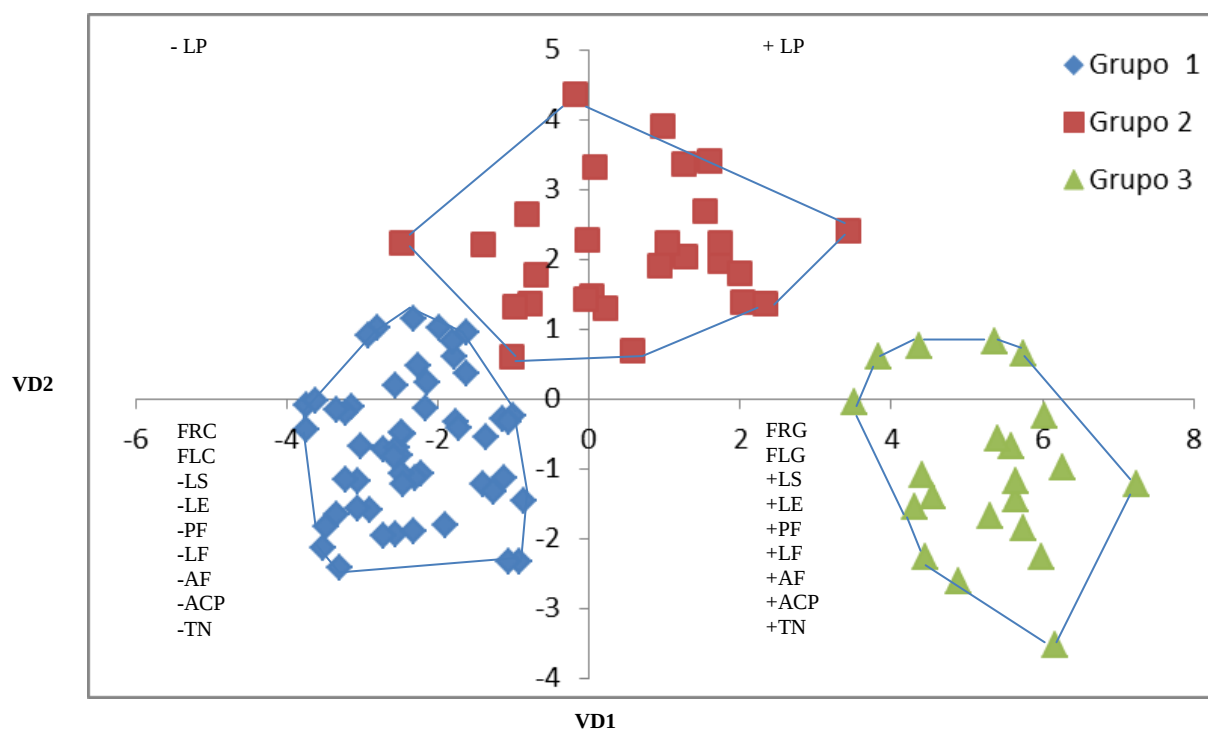


FIGURA 2. Agrupamiento de 101 colectas de jitomate nativo de México, LP=Longitud de pedúnculo, FRG=Frutos grandes, FLG=Flores grandes, FRC=Frutos chicos, FLC=Flores chicas. +LS=Mayor Longitud de sépalo, +LE=Mayor longitud de estambre, +PF=Mayor peso de fruto, +LF=Mayor longitud de fruto, +AF=Mayor anchura de fruto, +ACP=Mayor anchura de la cicatriz del pedicelo, +TN=Mayor tamaño del núcleo, y viceversa.

6.3 Descripción de grupos

Los promedios de caracteres evaluados en función de los grupos se presentan en el cuadro 3.

CUADRO 3. Promedios y prueba Tukey ($\alpha \leq 0.05$) para 23 caracteres cuantitativos de la guía de UPOV.

GRUPO	CARACTERES																						
	X4	X6	X8	X10	X17	X18	X24	X25	X29	X38	X39	X40	X47	X48	X50	X51	X54	X55	X60	X61	X66	X67	X68
1	49.16	67.25	13.46	30	33.46	28.47	10.57	7.25	6.26	4.97	18.13	19.48	14.61	4.84	3.17	2.77	0.24	1.67	6.14	2	9	7	10
6	A ^{NS}	A ^{NS}	A	A	A	A	B*	B*	C*	C*	C*	C*	B*	B*	C*	C*	B*	B*	C*	B*	B*	B*	A
2	46.44	70.48	12.62	26	31.99	27.00	11.69	10.27	7.35	13.54	22.06	28.03	21.65	7.56	5.19	4.19	0.32	2.44	12.27	4	13	9	10
5	A ^{NS}	A ^{NS}	B*	B*	B*	B*	A	A	B*	B*	B*	B*	A	A	B*	B*	B*	B*	B*	A	A	A	A
3	45.78	71.68	13.56	27	33.24	25.98	12.17	11.16	7.95	36.20	30.19	40.16	15.68	4.92	7.71	6.39	0.40	4.12	17.71	4	12	9	8
0	A ^{NS}	A ^{NS}	A	B*	A	B*	A	A	A*	A*	A*	A*	B*	B*	A*	A*	A	A	A*	A	A	A	B

Nota: El significado de las variables X4-X68 se definieron en el cuadro 2, Valores con la misma letra dentro de factor en cada columna son iguales de acuerdo con la prueba de Tukey a una $\alpha \leq 0.05$. NS; *: No significativo y significativo a una $\alpha \leq 0.05$, el color gris representa únicamente las variables con mayor diferenciación entre grupos.

Grupo 1. De acuerdo al cuadro 3, este grupo se caracterizó por presentar 53 accesiones de jitomate nativos tipo cherry o variedad ceraciforme, con porte pequeño en la mayoría de sus estructuras, muchas hojas, flores y frutos pequeños, dos lóculos, pocas flores y frutos por racimo de 9 a 7, respectivamente.

Grupo 2. Este grupo presento 27 accesiones con estructuras medianas en tallo, hoja, y fruto, presentando en ocasiones fenotipos tanto del grupo 1 como del grupo 3.

Grupo 3. Dentro de este grupo 21 accesiones presentaron fenotipos de tipo arriñonado, los caracteres de mayor expresión fueron de mucho vigor para planta, hoja, flor y fruto, el número de lóculos fluctuó desde 5 a 10.

Los resultados obtenidos de la matriz de correlaciones entre variables cuantitativas, evidencian una fuerte asociación entre el peso, longitud y anchura y por otro la asociación de éstas con el tamaño de la zona corchosa alrededor de la cicatriz del pedicelo, es decir, a medida que aumenta el peso del fruto, la longitud y la anchura de éste, también aumenta el tamaño de la zona corchosa alrededor de la cicatriz del pedicelo, dichos valores fluctúan en 0.85 y 0.92. Además, se observó una correlación positiva, entre longitud del pedicelo y longitud del pedicelo desde la capa de la abscisión, cuyo valor fue 0.91, es decir cuanto mayor sea la longitud del pedicelo mayor será longitud del pedicelo desde la capa de la abscisión.

6.4 Análisis de agrupamiento de variables cualitativas

El análisis de agrupamiento de la matriz de disimilitud de Gower generada con 45 caracteres cualitativos y ordinales generó el dendrograma de la Figura 3. La pseudo estadística t^2 de Hotelling indicó que con una altura de corte de 0.052 de r^2 semiparcial el número de grupos a elegir fue tres (Figura 3), los cuales se describen a continuación. Cabe aclarar que debido a la escala de estos caracteres, no fue posible realizar un AD, como en el caso anterior.

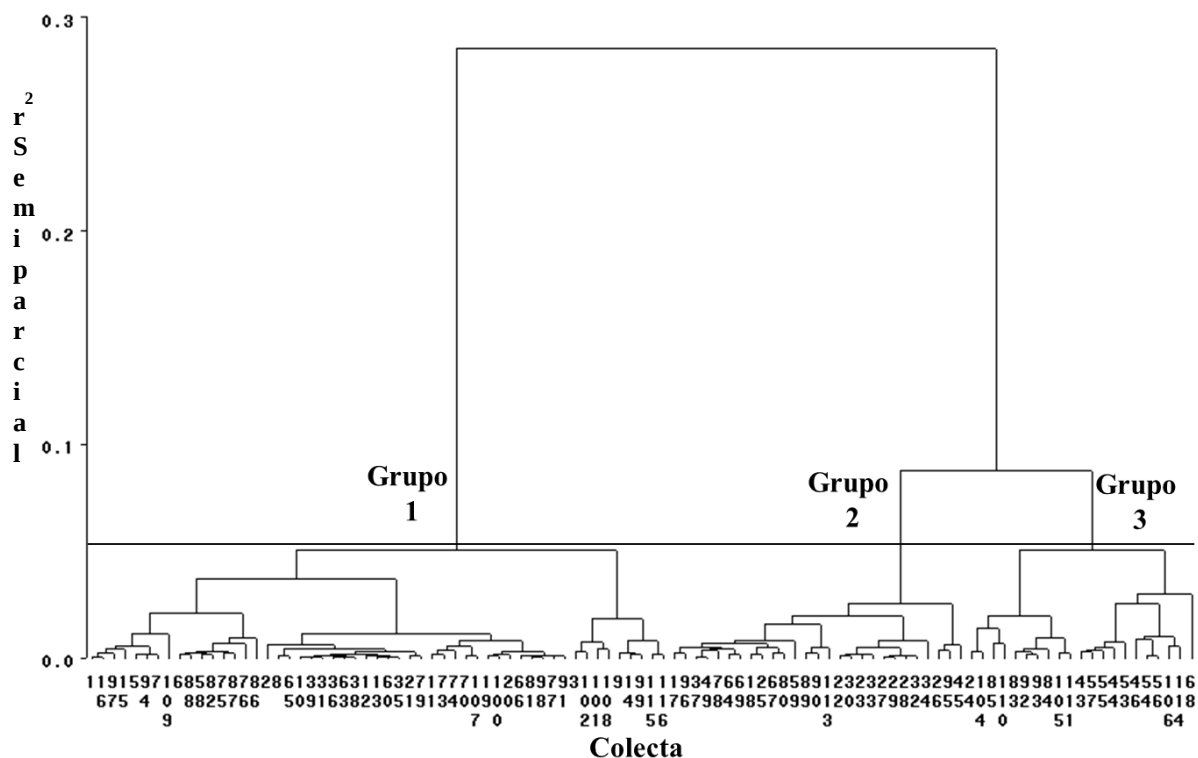


FIGURA 3. Dendrograma de 101 colectas de jitomate nativo de México generado con la disimilitud de Gower y mínima varianza de Ward.

6.5 Descripción de grupos

Grupo 1. Presentó un total de 53 colectas, la mayoría presentaron hojas de color “verde”, corola de flor “cerrada”, forma del estilo “simple”, “sin líneas” en el hombro, forma predominante del fruto “redondo”, “alta homogeneidad” de frutos, color exterior del fruto “naranja”, color de la carne “naranja”, forma del corte transversal del fruto “redonda”, forma de la cicatriz de la floración “en punto”, forma del terminal del pistilo “aplanada”, condición de la cicatriz del terminal de la floración “cerrada”, firmeza del fruto “intermedia”. Cabe aclarar que también se presentaron fenotipos con color de fruto rosado y amarillo (Figura 4A, B y C)

El grupo 2. Contiene 27 colectas, evidenciando claramente un grupo con hojas de color “verde”, corola de la flor “abierta”, forma del estilo “simple”, “con líneas” en el hombro, forma predominante del fruto “achatado”, “homogeneidad intermedia” de tamaño de frutos, color exterior del fruto “rojo”, color de la carne “rojo”, forma del corte transversal del fruto “irregular”, forma de la cicatriz de la floración “irregular”, forma del terminal del pistilo “aplanada”, condición de la cicatriz del terminal de la floración “cerrada y abierta”, firmeza del fruto “intermedia” (Figura 4F).

El grupo 3: Se formaron 21 colectas, con hojas de color “verde oscuro”, corola de flor “cerrada”, forma del estilo “simple”, “sin líneas” en el hombro, forma predominante del fruto “ligeramente achatado”, “baja homogeneidad” de tamaño de frutos, color exterior del fruto “rosado”, color de la carne “amarilla”, forma del corte transversal del fruto “irregular”, forma de la cicatriz del pistilo “en punto”, forma del terminal de la floración “aplanada”, condición de la cicatriz del terminal de la floración “cerrada y abierta”, firmeza del fruto “débil” (Figura 4G).



FIGURA 4. Jitomates nativos presentes en 101 accesiones, A, B y C=Cherry naranja, rosado y amarillo, respectivamente. D y E=Cereza naranja y Verde, F=Arriñonado rojo y G=Arriñonado rosado.

Los tipos de fruto antes mencionados están distribuidos de manera homogénea en diversas áreas de la república mexicana, por lo tanto se determinó que no existe asociación entre el origen de las colectas y los grupos generados, asimismo, se determinó que los fenotipos sobresalientes fueron: Cherry de fruto naranja, Arriñonado de fruto rojo (Figura 4A y F respectivamente).

Cabe mencionar que los tipos de fruto D=cereza naranja y E=cereza verde de la Figura 4, son fenotipos de un híbrido denominado Capito, el número de accesión fue la 45 y se pudo observar dentro del grupo intermedio 2.

De manera general los resultados de la caracterización morfológica de acuerdo con la forma y color de fruto generaron un total de 12 tipos (Cuadro 4).

CUADRO 4. Forma de fruto y colores encontrados en la caracterización de 101 accesiones de jitomate (*S. lycopersicum*) nativo de México.

TIPO	FORMA	COLOR	LOF (mm)	ANF (mm)	PEF (g)	FPF	TFM	NFR	NFL	NRP	NLC	TDC
1	Cherry	Naranja	17 ± 1.6	17.9 ± 1.9	3.6 ± 1.1	3	1	7 ± 1	9 ± 3	11 ± 1	2 ± 0	2
2	Cherry	Rosado	17 ± 1.7	18.4 ± 2.1	3.9 ± 1.3	3	1	7 ± 2	9 ± 2	10 ± 1	2 ± 1	2
3	Cherry	Amarillo	15.3 ± 1.7	16.2 ± 1.7	2.6 ± 0.7	3	1	6 ± 2	9 ± 2	11 ± 1	2 ± 0	2
4	Cherry	Rosado	24.5 ± 5.2	32.1 ± 13.5	16.9 ± 10.4	2	1	7 ± 3	10 ± 5	9 ± 2	3 ± 1	2
5	Cherry	Rojo	22.3 ± 2.3	24.4 ± 2.3	8.7 ± 2.3	2	1	7 ± 2	10 ± 3	11 ± 1	2 ± 1	2
6	Cherry	Rosado	22.0 ± 2.1	22.9 ± 2.3	7.5 ± 2.2	2	2	7 ± 1	7 ± 1	10 ± 1	2 ± 0	2
7	Cereza	Naranja	34.1 ± 0.9	34.9 ± 0.8	25.2 ± 2.5	3	2	18 ± 4	20 ± 4	9 ± 1	2 ± 1	2
8	Cereza	Verde	28 ± 0.8	29.5 ± 0.9	14.4 ± 0.7	3	2	20 ± 1	23 ± 2	8 ± 1	3 ± 0	2
9	Arriñonado	Rosado	28.1 ± 2.2	38.5 ± 3.0	29.8 ± 7.8	1	3	6 ± 2	7 ± 1	8 ± 1	5 ± 0	1
10	Arriñonado	Rosado	28.5 ± 4.4	39.1 ± 6	34.5 ± 13.6	1	3	9 ± 3	14 ± 6	8 ± 1	5 ± 3	1
11	Arriñonado	Rojo	25.2 ± 6.3	32 ± 8.9	22.2 ± 16.6	1	3	9 ± 5	13 ± 5	10 ± 2	4 ± 2	1
12	Arriñonado	Rosado	34.0 ± 5.7	42.2 ± 5.4	40.7 ± 14.6	1	3	8 ± 2	12 ± 3	7 ± 1	4 ± 1	1

LOF=Longitud de Fruto; ANF=Anchura de fruto; PEF=Peso de fruto; FPF=Forma predominante el fruto (1=Achatado, 2=Ligeramente achatado, 3=Redondo); TFM=Tamaño de fruto maduro (1=Muy pequeño, 2=Pequeño, 3=Intermedio); NFR=Número de frutos por racimo; NFL=Número de flores por racimo; NRP=Número de racimos; NLC=Número de lóculos; TDC=Tipo de corola (1=abierta, 2=Cerrada); ±Desviación estándar.

Al comparar los resultados de este estudio con estudios previos en México sobre diversidad genética de jitomate nativo (Hernández, 1997; Constantino, 2001; Álvarez-Hernández *et al.*, 2009; Carrillo y Chávez 2010), se aprecia que las colectas evaluadas en el presente trabajo representan mayor variabilidad genética, que puede ser de gran utilidad para la conservación y estudio como progenitores en un programa de mejoramiento.

VII. CONCLUSIÓN

El análisis de caracteres morfológicos cualitativos y cuantitativos, produjo agrupaciones coherentes y coincidentes entre ambos conjuntos. La caracterización morfológica, determinó que entre 101 accesiones de jitomate nativo procedentes de varios estados de la república, existe variabilidad genética, pero no se encontró asociación entre el origen de las colectas y los grupos generados. Se determinó una clara separación de tres grupos, debido principalmente a las características de fruto, forma, color y tamaño. Los resultados obtenidos pueden ser útiles para el programa de mejoramiento genético de jitomate, ya que las colectas poseen un potencial de diversidad genética. Asimismo, con los resultados obtenidos es posible establecer métodos estratégicos de conservación y su debido registro en bancos de germoplasma.

VIII. BIBLIOGRAFÍA

- ÁLVAREZ-HERNÁNDEZ, J.C.; CORTEZ-MADRIGAL, H.; GARCÍA-RUIZ, I.** 2009. Exploración y caracterización de poblaciones silvestres de jitomate (*Solanaceae*) en tres regiones de Michoacán, México. *Polibotánica* 28: 139-159.
- CONSTANTINO, M. A.** 2001. Comparación fenotípica de las variedades de jitomate silvestre y cultivada (*Lycopersicon esculentum* Mill) en el patosistema Chapingo, México. Tesis Ingeniero Agrónomo Especialista en Parasitología Agrícola. UACH. Departamento de Parasitología Agrícola. UACH.
- CARRILLO, R. J. C.; CHÁVEZ, S. J. L.** 2010. Caracterización agromorfológica de muestras de tomate de Oaxaca. *Rev. Fitotec. Mex.* Vol. 33 (Núm. Especial 4): 1 – 6, 2010
- FAOSTAT.** 2011. Base de datos estadísticos de la FAO. [http://www. Faostat.org.mx](http://www.Faostat.org.mx)
- FOOLAD, M. R.** 2003. Genetics of drought tolerance during seed germination in tomato: inheritance and QTL mapping, *Genome*, 46: 536–545.
- FOOLAD, M. R.; ZHANG, L. P.; SUBBIAH, P.** 2004. Recent advances in genetics of salt tolerance in tomato. *Plant Cell Tiss. Org.*, 76: 101–119.
- FUCHS, J. G.; MOËNNE-LOCCOZ, Y.; DÉFAGO, G.** 1997. Nonpathogenic *Fusarium oxysporum* strain Fo47 induces resistance to *Fusarium* wilt in tomato. *Plant Dis.* 81:492-496.
- GONZÁLEZ-ANDRÉS, F.** 2001. Caracterización morfológica: *In: Conservación y Caracterización de Recursos Fitogenéticos.* F González-Andrés, J Pita-Villamil (eds). Publicaciones Instituto Nacional de Educación Agrícola. Valladolid, España. pp:199-217.
- HERNÁNDEZ, M. J.** 1997. Estudio de la germinación, producción, fenología y aspectos morfológicos de jitomate silvestre (*Lycopersicon esculentum* var. Cerasiforme Dun). Tesis Ingeniero Agrónomo Especialista en Fitotecnia. Departamento de Fitotecnia. UACH.
- HOYT, E.** 1992. Conservando los parientes silvestres de las plantas cultivadas. Addison-Wesley Iberoamericana. Delaware, Estados Unidos de América. Traducción: Enrique Forero. 52 pp
- JENKINS, J. A.** 1948. The origin of the cultivated tomato. *Econ. Bot.* 2:379-392.
- JINSIN, Y.** 1999. Evaluation of cherry tomato inbred lined for multiple disease resistance. China training, Report. p 1-4
- JOHNSON, D.** 2000. Métodos Multivariados Aplicados al Análisis de Datos, Thompson Editores, México, D. F, pp. 93-396.
- LINDHOUT, P.** 2005. Genetics and breeding. *In: Tomatoes.* Heuvelink E. (Ed.). CAB International. USA. 21-52 pp.

MANSOUR, A.; ISMAIL, H. M.; RAMADAN, M. F.; GYULAI, G. 2009. Variations in tomato (*Lycopersicon esculentum*) cultivars grown under heat stress. Journal für Verbraucherschutz und Lebensmittelsicherheit. Vol. 4 No. 2 pp. 118-127

MOLINA, M. J.; CÓRDOVA, T. L. 2006. Conservación ex situ. In: Recursos Fitogenéticos de México para la Alimentación y la Agricultura. Informe Nacional 2006. J C Molina M, L Córdova T (eds). Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación y Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C. Chapingo, México. pp:59-100.

NUEZ, F.; PICO, B. 1997. Germplasm of tomato and wild relatives from genebank of the Polytechnic University of Valencia. In: Proc. 1st Intl. Conf. ON the Processing and 1st Intl. Symp. Tropical Tomato Diseases. 18-22 November, Recife, Pernambuco, Brazil. G Alves M, G M B Lopes, C Hayward, R L Mariano, E. A Marahao (eds). The American Society for Horticultural Science and Empresa Pernambucana de Pesquisa Agropecuária, Pernambuco, Brazil. pp: 83-89.

PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M. 2000. "Clasification of wild tomatoes: a review". Kurtziana, 28(1): 45-54.

PERALTA, I. E.; KNAPP, S.; SPOONER, D. M. 2005. New species of wild tomatoes (*Solanum* section *Lycopersicon*: *Solanaceae*) from Northern Peru. Systematic Botany 30 (2):424-434.

PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M. 2007. History, origin and early cultivation of tomato (*Solanaceae*). In: Genetic Improvement of Solanaceous Crops. Vol. 2. Tomato. M K Razdan, A K Mattoo (eds). Science Publishers. Enfield, New Hampshire, USA. pp:1-24.

RAO, R. V.; HODGKIN, T. 2002. Genetic diversity and conservation and utilization of plant genetic resources. Plant Cell Tissue and Organ Culture 68:1-19.

RICK, C. M.; FOBES, J. F. 1975. Allozyme variation in the cultivated tomato and closely related species. Bull. Torrey Bot. Club 102:376-384.

RICK, C. M. 1986. Germoplasm resources in the wild tomato species, Acta Horticulture 190: 39-47.

RICK, C. M.; HOLLE, M. 1990. Andean *Lycopersicon esculentum* var. cerasiforme: genetic variation and its evolutionary significance. Econ. Bot. 44 (3 Suppl.): 69-78.

RESENDE, J. T. V.; MALUF, W. R.; CARDOSO, M. G.; NELSON, D. L.; FARIA, M. V. 2002. Inheritance of acylsugar contents in tomatoes derived from an interspecific cross with the wild tomato *Lycopersicon pennellii* and their effect on spider mite repellence. Genet Mol Res 1(2):106-116

SÁNCHEZ, P. P.; OYAMA, K.; NÚÑEZ F. J.; FORMONI, J.; HERNÁNDEZ V, S.; MÁRQUEZ G, J.; GARZÓN, T. J. A. 2006. Sources of resistance to whitefly (*Bemisia* spp.) in wild populations of *Solanum lycopersicum* var. Cerasiforme (Dunal). Genetic Resources and Crop Evolution 53(4): 711-719

SCHAUER, N.; SEMEL, Y.; ROSSNER, U.; GUR, A.; BALBO, I.; CARRARI, T.; PLEBAN, T.; PEREZ-MELIS, A.; BRUEDIGAM, A.; KOPKA, J.; WILLMITZER, L.; ZAMIR, D.; FERNIE, A. R. 2006. Comprehensive metabolic profiling and phenotyping of interspecific introgression lines for tomato improvement. Nature Biotechnol. 24:447-454.

STEINER, A. A. 1961. A universal method for preparing nutrient solutions of a certain desired composition. Plant Soil 15: 134-154.

UPOV. 1992. Guidelines for the conduct of tests for distinctness, homogeneity and stability. Tomato (*Lycopersicum esculentum* L.). TG/44/7. International Union for the Protection of New Varieties and Plants (UPOV), Ginebra. 56 págs.

UPOV-IPGRI. 1996. Descriptores para el tomate *Lycopersicum* spp. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, Roma, Italia. 49 p.

WARNOCK, S. J. 1988. A review of taxonomy and phylogeny of the genus *Lycopersicon*. HortScience 23:669-673.

ZAMIR, D.; GRANDILLO, S.; RANDILLO, S.; TANKSLEY, D. 1999. Genes from wild species for the improvement of yield and quality of processing tomatoes. Acta Hort. 487:285-288.

IX. ANEXOS

CUADRO 5. Moda de 21 descriptores categóricos de 3 grupos de colectas de jitomate (*S. lycopersicum* L.) nativos de México.

GEN	GRUPO	X12	X22	X27	X32	X35	X41	X43	X53	X56	X58	X59	X62	X63	X64
1	1	3	2	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
2	1	3	2	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
3	1	3	1	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
5	1	3	2	1	1	3	4	3	2	4	3	1	1	2	2
6	1	2	2	1	1	3	4	3	2	4	3	1	1	2	2
7	1	2	2	1	1	3	3	3	2	5	3	1	1	2	2
8	1	2	2	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
9	1	2	2	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
10	1	2	2	1	1	3	3	3	2	3	4	1	1	2	2
11	1	2	2	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
12	1	2	2	1	1	3	4	3	2	4	3	1	1	2	2
13	1	2	2	1	1	3	3	3	2	3	4	1	1	2	2
14	1	2	1	1	1	3	4	3	2	3	2	1	2	2	2
15	1	2	2	1	1	3	4	3	2	4	4	1	1	2	2
16	1	2	2	1	1	3	3	3	2	4	3	1	1	2	2
19	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	4	1	1	2	2
21	1	2	2	1	2	3	4	3	2	5	4	1	1	2	2
31	1	2	2	1	2	3	3	3	2	4	4	1	1	2	2
35	1	2	2	1	1	3	3	3	2	4	4	1	1	2	2
36	1	2	2	1	1	3	3	3	2	3	4	1	1	2	2
37	1	2	2	1	1	3	3	3	2	3	4	1	1	2	2
38	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	4	2	1	2	2
39	1	2	2	1	1	3	3	3	2	4	4	1	1	2	2
45	1	2	2	1	2	3	3	3	2	3	4	2	1	2	2
49	1	2	2	1	1	3	3	3	2	3	4	1	1	2	2
58	1	2	2	1	2	3	4	3	2	4	3	2	1	1	2
60	1	2	2	1	1	3	3	3	2	3	4	1	1	2	2
63	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	4	1	1	2	2
65	1	2	2	1	1	3	3	3	2	3	2	1	1	2	2
66	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	4	1	1	2	2
70	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	2	1	1	2	2
73	1	2	2	1	1	3	3	3	1	3	4	1	1	2	2
74	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	3	1	1	2	2
75	1	2	2	1	1	3	4	3	2	5	4	1	1	2	2
76	1	2	2	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
77	1	3	2	1	1	3	3	3	2	4	4	1	1	2	2
79	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	4	1	1	2	2
80	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	2	1	1	2	2
81	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	4	1	1	2	2
91	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	5	1	1	2	2
94	1	3	2	1	1	3	2	3	2	2	2	1	1	2	2
97	1	2	2	1	1	3	2	3	2	2	2	1	1	2	2
98	1	2	2	1	1	3	4	3	2	3	5	2	1	2	2
99	1	2	2	2	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
100	1	2	2	1	1	3	2	3	1	2	2	1	1	2	2
107	1	2	1	1	1	3	3	3	2	4	2	1	1	2	2
109	1	3	2	1	1	3	5	2	2	3	3	1	1	2	2
113	1	2	2	1	1	3	3	2	1	4	3	1	1	2	2
115	1	2	2	1	1	3	2	3	2	2	3	1	1	2	2
116	1	2	2	1	1	3	3	3	2	5	4	1	1	2	2
MODA		2	2	1	1	3	3	3	2	3	4	1	1	2	2
N		43	44	49	46	50	25	48	47	20	28	46	49	49	50

CUADRO 5. Continuación

GEN	GRUPO	X12	X22	X27	X32	X35	X41	X43	X49	X53	X56	X58	X59	X62	X64
17	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	2	3	3
18	2	2	2	1	1	1	5	1	2	2	3	4	2	2	3
22	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	2	4	2
23	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	3	4	3
24	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	3	3	3	1	2
25	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	3	1	3
26	2	2	2	1	2	1	5	1	2	2	3	3	3	1	2
27	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	4	4	3	4	3
28	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	3	4	3
29	2	2	2	1	2	1	5	1	2	2	5	4	3	4	3
30	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	4	4	3	4	2
32	2	2	2	1	2	1	5	1	2	2	4	4	3	4	3
33	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	3	4	2
34	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	3	4	1
43	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	4	4	3	4	3
44	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	5	4	3	4	3
46	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	3	4	2	4	3
53	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	4	4	3	4	3
54	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	5	2	3	4	3
55	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	3	4	3	4	3
56	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	5	4	2	4	3
57	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	4	4	3	4	3
59	2	2	1	1	1	1	5	1	1	2	5	2	3	4	3
67	2	2	1	1	2	1	5	1	2	2	3	2	3	4	3
68	2	2	1	1	1	1	5	1	1	1	4	3	3	4	3
69	2	2	1	3	1	1	5	1	1	2	5	4	3	4	1
83	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	5	2	3	4	2
84	2	3	2	3	2	1	4	1	2	2	5	3	3	4	2
85	2	3	1	3	2	1	4	1	1	2	4	4	3	4	3
92	2	3	2	3	2	1	4	1	2	2	5	3	3	4	1
93	2	3	2	3	2	1	5	2	2	2	5	3	3	4	3
95	2	2	2	1	1	1	5	1	2	2	3	4	2	1	2
96	2	2	1	1	2	1	4	1	2	2	4	4	2	4	3
104	2	3	2	2	2	1	4	1	2	2	3	4	3	3	2
105	2	3	2	3	2	1	5	1	2	2	5	3	3	4	3
110	2	3	1	3	1	1	4	1	1	2	4	3	3	4	3
111	2	3	2	3	2	1	4	1	2	2	5	3	3	4	3
MODA		2	1	1	2	1	5	1	2	2	5	4	3	4	3
N		29	26	27	30	37	21	36	32	36	14	21	25	29	20
20	3	2	2	1	1	2	4	2	2	2	3	3	2	1	2
64	3	2	2	1	1	2	5	2	2	2	3	2	1	1	2
78	3	3	1	1	1	2	4	2	2	2	5	4	1	1	2
82	3	3	1	1	2	2	5	2	2	2	5	4	1	1	2
86	3	3	2	1	1	2	5	2	2	2	3	4	1	1	2
87	3	3	2	1	1	2	4	2	2	2	5	3	1	1	2
88	3	2	2	1	1	2	4	2	1	2	4	2	1	1	2
89	3	3	2	1	1	2	4	2	2	2	4	4	1	1	4
90	3	3	2	1	1	2	4	2	1	1	4	4	1	1	2
101	3	2	2	1	1	2	3	2	2	2	5	4	1	1	2
102	3	3	1	1	1	2	5	2	1	2	5	4	1	1	2
106	3	2	2	3	2	2	4	2	2	2	4	2	1	2	2
108	3	3	2	1	1	2	5	2	2	2	3	4	1	1	2
114	3	2	1	1	1	2	4	2	2	2	4	4	2	1	2
MODA		3	2	1	1	2	4	2	2	2	5	4	1	1	2
N		8	10	13	12	14	8	13	11	13	5	8	12	12	12

CUADRO 6. Modas de 24 descriptores ordinales de tres grupos de colectas de jitomate (*S. lycopersicum*) nativos de México.

Geopositivity Indexes of Mexico																				
GE	GRUP			X1	X1	X1	X2	X2	X3	X3	X3	X3	X3	X4	X4	X4	X4	X5	X5	X6
N	O	X7	X9	1	3	9	0	6	1	3	4	6	7	2	4	5	6	2	7	3
1	1	1	2	3	1	3	1	2	1	2	1	1	2	3	1	1	1	3	2	2
2	1	2	2	2	1	3	1	2	1	1	1	1	2	2	2	2	1	3	2	2
3	1	2	2	1	1	3	1	3	1	1	1	1	2	2	1	2	1	3	2	2
5	1	2	2	2	1	3	1	2	1	1	1	1	2	2	1	2	1	2	2	2
6	1	2	2	2	1	2	1	2	1	1	1	1	2	3	1	2	1	2	2	2
7	1	1	2	3	1	3	1	2	1	1	1	1	2	3	1	2	1	3	3	2
8	1	2	3	3	1	3	1	2	1	2	1	1	2	2	3	1	1	2	2	2
9	1	2	3	2	1	3	1	2	1	2	1	1	1	2	3	1	1	3	2	2
10	1	2	3	3	3	3	1	2	1	2	1	1	3	3	1	2	1	2	2	2
11	1	2	2	3	1	3	1	2	1	2	1	1	2	2	3	1	1	2	2	2
12	1	2	2	2	3	3	1	2	1	1	1	1	2	2	1	2	1	2	3	2
13	1	2	2	2	3	3	1	2	1	1	1	1	3	3	1	2	1	2	2	2
14	1	2	2	2	3	3	1	2	1	3	1	1	3	3	1	3	1	2	2	2
15	1	2	2	3	1	3	1	2	1	1	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
16	1	1	2	3	1	3	1	1	1	1	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
19	1	2	2	2	3	3	1	2	1	2	1	1	2	2	1	3	1	3	2	2
21	1	3	2	1	3	3	1	2	1	1	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
31	1	2	2	2	3	3	1	2	2	1	1	1	3	3	1	2	1	2	2	2
35	1	3	2	2	3	3	1	2	1	1	1	1	3	3	1	2	1	2	2	2
36	1	2	2	3	3	3	1	2	1	1	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
37	1	2	2	2	3	1	1	2	1	2	1	1	3	3	1	2	1	2	2	2
38	1	2	2	2	3	3	1	2	1	2	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
39	1	2	2	3	3	3	1	2	1	2	1	1	3	3	1	2	1	2	2	2
45	1	2	2	2	1	1	2	2	2	1	1	2	3	2	1	2	1	2	2	2
49	1	2	2	3	3	1	2	2	1	2	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
58	1	2	2	2	3	2	2	2	2	2	1	1	3	2	3	2	1	2	2	1
60	1	2	2	3	3	3	1	2	1	2	1	1	3	3	1	2	1	2	2	2
63	1	2	2	2	3	2	1	2	1	2	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
65	1	2	2	2	3	3	1	2	1	1	1	1	3	2	1	2	1	3	3	2
66	1	2	2	3	3	2	1	2	1	1	1	1	3	3	1	1	1	3	2	2
70	1	1	2	3	3	2	1	2	1	2	1	1	3	3	1	3	1	3	2	2
73	1	2	2	3	3	3	1	2	1	2	1	1	3	3	1	2	1	3	2	2
74	1	2	2	3	3	3	1	1	1	2	1	1	3	3	1	2	1	3	2	2
75	1	2	2	3	3	3	1	2	1	2	1	1	3	3	3	3	1	2	2	2
76	1	2	2	3	3	2	1	2	1	2	1	1	3	3	3	3	1	2	3	2
77	1	2	2	3	1	3	1	2	1	1	1	1	3	3	1	2	1	3	2	2
79	1	3	2	1	3	3	3	2	1	2	1	1	3	2	1	2	1	2	1	2
80	1	2	2	2	3	3	1	2	1	3	1	1	3	3	1	3	1	3	2	2
81	1	2	2	2	3	2	1	2	1	2	1	1	3	2	1	3	1	3	2	2
91	1	2	2	2	3	3	2	2	1	2	1	1	3	2	1	3	1	2	3	2
94	1	1	2	2	1	3	1	2	1	1	1	1	2	2	1	2	1	2	2	2
97	1	1	2	3	1	3	1	2	1	1	1	1	2	2	1	2	1	1	2	2
98	1	2	2	3	3	3	1	2	1	2	1	1	3	2	1	3	1	2	2	2
99	1	2	2	3	3	3	2	2	1	2	1	1	2	2	3	1	1	2	2	2
100	1	3	2	2	3	3	1	2	1	2	1	1	3	3	1	3	1	3	2	2
107	1	1	2	3	3	2	1	2	1	3	1	1	1	2	1	2	1	2	2	2
109	1	1	2	3	1	3	3	3	1	1	1	1	2	2	1	2	1	3	2	2
113	1	2	2	3	3	3	1	3	1	2	1	1	3	2	1	1	1	1	2	2
115	1	1	3	2	3	3	1	2	1	2	1	1	2	2	3	1	1	1	2	2
116	1	1	3	2	3	3	1	2	1	2	2	1	2	2	3	2	1	2	2	2
MOD																				
A		2	2	2	3	3	1	2	1	2	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
N		22	45	11	34	17	39		47	27	49	49	29	29	40	31	50	30	37	49

CUADRO 6. Continuación

GEN	GRUPO	X7	X9	X11	X13	X19	X20	X26	X31	X33	X34	X36	X37	X42	X44	X45	X46	X52	X57	X63
17	2	3	2	2	3	2	3	2	1	2	1	3	2	2	2	3	3	3	2	2
18	2	2	2	2	3	3	3	2	1	2	1	3	2	2	3	2	3	3	2	2
22	2	2	2	1	3	2	3	2	2	1	1	3	1	2	3	2	3	2	2	1
23	2	2	2	1	3	3	3	2	2	1	1	3	1	3	3	2	3	2	2	1
24	2	2	2	2	3	2	3	2	2	1	1	3	2	2	4	2	3	2	2	1
25	2	2	3	1	3	3	3	2	2	1	1	3	1	2	3	1	3	1	2	3
26	2	1	2	1	3	3	3	3	2	1	1	3	2	2	1	1	3	3	2	2
27	2	2	2	2	3	3	2	2	1	1	1	3	1	2	3	2	3	2	2	1
28	2	2	2	1	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1
29	2	2	2	1	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	2	2	3	2	2	1
30	2	3	2	1	3	3	3	2	2	1	1	3	2	3	3	2	3	2	2	2
32	2	2	2	1	3	3	2	2	2	1	1	3	1	2	2	1	2	2	2	1
33	2	2	2	1	3	2	2	2	2	2	1	3	1	2	3	2	3	2	2	1
34	2	2	2	1	3	3	3	2	2	2	1	3	1	2	1	1	2	2	2	1
43	2	2	2	2	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	2	1	2	2	2	1
44	2	3	2	2	3	2	3	2	2	1	1	3	2	2	2	2	1	2	2	1
46	2	2	2	2	1	3	3	2	2	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2	1
53	2	2	2	2	1	3	3	2	2	2	1	3	2	1	1	1	2	2	2	1
54	2	2	2	3	3	3	3	2	2	2	1	3	2	1	1	2	2	2	2	1
55	2	2	2	2	2	2	3	2	2	1	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1
56	2	2	2	3	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1
57	2	2	2	2	3	3	3	2	2	2	1	3	1	2	3	2	3	2	2	1
59	2	2	2	3	3	2	3	2	2	1	1	3	1	2	1	1	3	2	3	1
67	2	2	2	2	3	3	3	2	1	2	1	3	2	2	2	1	3	2	3	2
68	2	2	2	2	3	2	3	2	1	2	2	3	1	2	3	2	4	3	2	1
69	2	2	2	2	3	2	3	3	1	2	1	3	2	2	3	3	3	3	3	1
83	2	2	2	1	3	2	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	2	1	2	2
84	2	2	2	1	3	2	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	4	2	2	2
85	2	2	2	1	3	3	3	3	1	2	1	3	2	2	4	2	3	2	2	2
92	2	2	2	1	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1
93	2	2	2	1	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1
95	2	2	2	3	3	2	3	2	1	2	1	3	2	2	2	3	2	2	2	2
96	2	3	2	2	3	2	3	2	2	1	1	3	2	2	4	2	2	2	3	1
104	2	2	2	2	3	2	3	3	1	3	1	3	2	2	4	2	3	2	2	1
105	2	2	2	1	3	2	3	2	2	2	1	2	2	2	3	2	3	2	2	1
110	2	1	2	1	1	2	3	3	1	1	1	3	1	2	3	2	2	2	2	2
111	2	2	2	2	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1
MODA		2	2	1	3	3	3	2	2	2	1	3	2	2	3	2	3	2	2	1
N		14	36	7	33	8	28	31	27	21	36	36	19	30	18	24	18	29	30	25

CUADRO 6. Continuación

GEN	GRUPO	X7	X9	X11	X13	X19	X20	X26	X31	X33	X34	X36	X37	X42	X44	X45	X46	X52	X57	X63
20	3	2	2	2	3	2	1	2	1	2	1	1	2	2	1	2	1	2	2	2
64	3	2	2	2	3	2	2	2	1	2	1	1	2	2	1	3	2	3	2	2
78	3	2	2	2	1	2	3	2	1	1	1	1	3	3	1	2	1	3	3	2
82	3	2	2	3	1	2	1	2	1	2	1	1	1	2	3	1	1	2	2	2
86	3	2	2	2	1	2	1	2	2	2	1	1	3	2	1	2	1	2	2	2
87	3	2	2	2	1	2	2	2	1	2	1	2	3	2	3	2	1	2	2	2
88	3	2	2	2	1	2	2	3	1	1	1	2	2	2	1	2	1	3	2	2
89	3	2	2	2	1	2	1	2	1	1	1	2	3	3	1	2	1	3	2	1
90	3	2	2	2	1	2	1	2	1	2	1	2	3	3	1	2	2	3	2	2
101	3	1	3	3	3	3	2	2	1	2	1	1	1	2	1	2	1	3	2	2
102	3	2	2	2	1	3	2	3	1	1	1	1	2	2	1	2	1	3	2	2
106	3	2	2	3	3	3	2	2	1	2	1	1	2	2	1	2	2	3	2	2
108	3	2	2	3	1	3	2	3	1	1	1	1	3	3	1	3	1	3	2	1
114	3	2	3	1	3	3	2	2	1	3	1	1	1	2	3	1	2	3	2	1
MODA		2	2	2	1	2	2	2	1	2	1	1	3	2	1	2	1	3	2	2
N		13	12	9	9	9	8	11	13	8	14	10	6	10	11	10	10	10	13	11

CUADRO 7. Medias de 23 descriptores cuantitativos del grupo uno de jitomate (*S. lycopersicum*) nativo de México.

GEN	Grupo	X4	X6	X8	X10	X17	X18	X24	X25	X29	X38	X39	X40	X47	X48	X50	X51	X54	X55	X60	X61	X66	X67	X68
1	1	44.50	54.85	14.20	31	36.25	31.13	11.15	8.15	6.64	4.18	17.59	19.35	1.83	0.64	3.31	2.78	0.07	1.96	5.75	2	6	7	10
10	1	54.50	68.50	12.35	33	36.50	29.50	12.50	8.00	5.95	2.95	16.60	17.55	19.00	7.80	2.65	2.90	0.30	1.40	4.00	2	7	8	11
100	1	41.75	74.00	14.25	28	36.45	32.50	9.40	5.45	5.60	2.90	15.95	17.25	15.70	5.75	2.50	2.55	0.25	1.15	3.20	5	7	7	11
101	1	83.43	59.03	16.43	35	42.43	39.14	13.73	8.34	8.11	9.36	21.43	24.20	25.16	6.58	3.77	4.32	0.21	1.56	7.76	2	9	13	12
102	1	76.50	82.11	13.60	30	40.38	37.00	13.24	9.85	8.00	9.66	25.09	23.33	24.08	5.76	3.83	5.01	0.52	1.80	20.65	2	8	12	10
107	1	41.63	52.39	12.80	33	26.38	26.88	10.00	6.26	5.15	3.01	15.08	16.88	20.41	8.10	1.66	1.75	0.12	1.21	4.52	2	6	10	11
108	1	52.25	72.12	15.09	32	40.88	37.38	11.68	9.77	8.10	8.48	22.04	24.00	27.90	7.00	4.23	3.69	0.28	1.83	8.36	2	7	12	12
109	1	54.50	41.39	15.70	33	35.75	32.88	13.10	8.64	7.81	8.54	21.89	25.81	2.28	0.64	4.10	3.73	0.42	1.91	7.51	2	7	11	11
11	1	56.25	60.48	14.22	35	31.50	30.75	11.07	6.11	6.07	3.20	16.61	17.80	21.95	6.23	2.35	2.47	0.19	1.26	4.38	2	7	8	12
115	1	78.88	59.18	12.25	27	37.50	35.50	10.90	6.18	6.63	1.74	13.09	14.09	13.74	7.95	1.70	1.72	0.17	0.94	3.65	2	8	11	10
116	1	71.75	42.51	12.80	28	38.38	36.13	10.31	6.01	6.27	2.36	14.04	15.40	16.16	7.85	1.94	2.12	0.15	0.86	4.60	2	8	15	10
12	1	50.33	70.08	12.50	29	36.00	28.17	12.23	7.27	6.69	3.90	16.87	18.15	22.92	6.46	5.25	2.78	0.18	1.28	4.38	2	9	11	11
13	1	41.00	73.70	12.30	30	37.00	21.00	12.90	7.00	5.90	3.10	16.80	18.10	17.50	6.50	2.40	2.10	0.20	1.00	4.00	2	8	9	11
14	1	59.06	63.02	13.54	29	35.44	32.25	10.89	7.36	6.49	3.90	17.44	18.64	23.49	5.64	3.02	2.66	0.18	1.17	4.26	2	4	8	11
15	1	60.75	74.88	13.73	32	38.88	31.75	10.47	7.22	6.51	3.25	16.88	18.26	2.23	0.52	2.82	2.11	0.07	1.70	5.50	2	8	9	11
16	1	50.33	59.40	12.97	30	36.33	32.00	10.73	6.93	6.88	3.53	16.87	18.70	2.03	0.61	3.08	2.14	0.07	1.85	5.17	2	8	10	9
19	1	46.63	68.93	13.34	31	34.13	28.00	9.16	6.66	5.83	5.98	20.59	22.09	18.34	6.84	4.23	2.89	0.13	2.11	4.81	5	7	9	13
2	1	46.50	68.50	13.31	28	33.88	29.00	10.96	7.15	3.23	4.25	18.90	18.54	17.61	5.91	3.36	3.58	0.20	1.26	14.81	2	6	7	10
20	1	42.63	72.25	13.60	27	31.25	27.00	9.75	7.18	6.30	8.01	20.74	23.89	14.73	5.41	5.21	3.68	0.14	3.13	6.21	4	8	8	10
21	1	49.50	79.90	13.60	25	31.50	23.00	8.90	6.45	5.65	4.50	18.10	19.00	20.00	6.80	3.05	2.20	0.30	1.30	4.25	2	6	6	10
3	1	49.50	66.30	12.15	23	41.50	35.50	11.30	8.85	6.30	4.10	19.25	18.70	20.30	6.20	3.60	4.60	0.80	0.73	14.10	2	7	8	10
31	1	50.00	75.60	12.40	27	34.50	27.50	11.95	8.95	6.60	6.95	20.50	22.65	21.95	5.85	3.45	3.00	0.40	1.45	6.20	3	5	7	11
35	1	46.00	79.75	12.35	24	37.50	25.00	12.95	7.45	6.35	3.90	16.50	17.00	17.75	5.65	1.75	1.65	0.10	1.25	3.10	2	8	9	10
36	1	45.50	76.05	12.90	30	33.00	27.50	10.85	9.75	8.05	5.25	18.15	18.80	20.00	5.75	2.65	2.10	0.35	1.30	3.70	2	8	9	11
37	1	33.00	70.50	10.90	30	23.00	19.00	11.20	9.00	6.50	17.80	17.40	17.40	17.50	6.70	2.60	2.10	0.30	1.10	4.40	2	8	9	12
38	1	50.00	77.45	12.90	27	32.50	30.00	10.00	9.00	5.90	4.10	17.30	17.95	21.20	7.35	3.10	2.30	0.25	1.35	3.90	2	8	9	10
39	1	54.50	74.25	13.70	31	32.00	30.00	11.75	7.45	5.80	5.40	17.95	19.30	19.40	6.90	3.10	2.40	0.25	1.40	3.85	2	7	9	11
5	1	52.71	65.01	13.47	28	34.43	30.86	9.71	5.94	4.51	3.14	16.27	17.83	1.97	0.54	2.03	2.53	0.29	1.30	4.00	2	6	8	10
58	1	42.00	69.53	13.03	31	30.00	23.67	10.70	8.60	6.93	7.60	19.77	23.13	2.17	0.55	4.33	3.13	0.09	1.73	9.10	4	9	11	9
6	1	44.50	73.48	14.65	29	29.50	28.00	9.38	7.45	6.38	3.58	17.43	18.73	1.83	0.63	2.00	2.15	0.34	1.43	4.65	2	6	8	10
60	1	36.00	74.90	12.60	31	33.00	22.00	13.80	8.40	6.70	3.10	16.90	17.90	19.10	5.40	2.30	2.20	0.20	1.00	4.20	2	7	9	11
63	1	56.00	79.80	14.20	30	29.00	22.00	10.60	8.60	6.60	3.30	16.70	17.50	21.70	7.30	2.70	1.90	0.20	1.20	4.60	2	7	9	12
65	1	53.13	65.92	12.67	30	35.75	29.38	8.98	6.76	6.09	3.68	17.23	18.09	21.74	6.89	3.52	2.83	0.15	1.26	4.51	2	7	8	10
66	1	46.00	69.25	12.70	33	28.63	24.94	9.37	5.58	6.36	4.10	17.64	18.18	17.85	6.61	4.18	2.90	0.29	1.37	4.61	2	8	10	11
7	1	50.00	57.68	13.28	31	39.63	33.50	8.39	4.35	4.14	3.71	17.68	19.46	1.95	0.62	2.14	2.31	0.25	1.36	4.08	2	8	9	11
70	1	48.00	43.90	11.94	33	26.00	23.50	9.14	9.01	6.62	4.90	19.10	21.30	16.98	8.49	4.84	3.57	0.16	1.53	7.74	2	6	7	13
73	1	49.67	62.68	14.99	32	33.83	29.83	10.21	7.15	6.12	3.58	17.87	16.50	16.30	6.73	2.72	2.25	0.23	4.19	13.36	2	8	8	11
74	1	54.63	64.76	12.56	35	31.54	27.94	10.27	5.38	6.70	3.36	17.51	16.70	17.09	6.11	2.21	2.39	0.49	4.86	15.05	2	9	9	11
75	1	38.63	68.09	13.78	34	32.88	26.50	9.53	7.06	6.81	3.28	14.78	15.19	1.98	0.75	4.01	3.95	0.41	2.18	4.36	2	8	9	9
76	1	36.25	53.96	12.90	32	27.38	21.75	8.71	5.63	4.59	3.84	16.04	16.48	1.60	0.79	3.78	3.78	0.36	1.63	5.41	2	6	7	9
77	1	39.38	65.76	14.54	31	31.25	27.31	8.76	6.03	6.29	4.94	19.13	20.29	16.99	6.79	3.59	3.46	0.15	1.65	6.57	2	7	9	11
79	1	54.50	80.31	11.26	23	35.13	27.38	10.31	6.76	6.58	3.41	16.93	17.71	18.36	6.66	2.93	2.28	0.21	1.29	4.11	2	8	8	9

CUADRO 7. Continuación

GEN	Grupo	X4	X6	X8	X10	X17	X18	X24	X25	X29	X38	X39	X40	X47	X48	X50	X51	X54	X55	X60	X61	X66	X67	X68
8	1	56.71	71.82	11.88	32	35.57	29.29	9.72	4.95	5.56	3.49	17.04	18.46	22.62	5.66	2.91	2.76	0.24	1.14	4.75	2	7	8	10
81	1	38.00	74.00	12.66	29	28.00	26.00	9.90	6.10	5.85	3.10	14.80	16.30	19.85	5.15	3.15	2.35	0.15	1.50	4.10	3	7	11	11
82	1	42.40	73.34	12.52	31	32.00	23.20	10.76	9.42	6.44	8.68	24.86	25.44	2.46	0.90	4.54	4.32	0.40	2.28	6.48	4	5	6	10
86	1	39.50	75.48	19.11	29	28.81	26.98	8.38	5.20	5.58	5.60	19.59	21.94	1.63	0.43	2.15	2.40	0.49	1.85	5.81	2	6	8	11
87	1	32.63	63.56	15.50	30	33.25	23.75	9.64	7.83	7.44	6.06	22.06	23.65	2.83	0.69	4.06	4.06	0.40	2.60	8.79	2	7	7	9
88	1	47.88	65.18	14.66	27	33.25	27.75	11.19	10.05	6.75	8.31	22.26	23.95	2.79	0.62	2.71	3.35	0.36	2.00	6.15	2	8	8	10
9	1	65.50	67.92	14.77	31	41.63	37.50	11.97	7.88	5.81	3.43	16.93	18.05	22.73	6.01	2.72	2.49	0.16	1.19	4.47	2	7	8	10
91	1	39.50	73.00	13.45	30	32.10	28.25	7.45	2.50	5.35	5.10	17.30	19.15	16.85	5.70	4.75	2.45	0.10	1.30	5.45	2	9	10	10
94	1	48.75	56.41	13.46	29	39.13	34.75	9.39	5.63	5.76	2.93	16.24	16.96	2.05	0.67	2.06	2.44	0.24	1.21	4.48	2	5	8	11
97	1	52.25	45.10	13.71	31	35.25	30.63	10.50	7.06	6.29	3.16	16.53	17.50	1.54	0.49	2.19	2.06	0.28	1.49	4.45	2	6	8	12
98	1	38.00	68.70	12.55	32	32.00	31.00	9.30	8.10	6.10	5.00	19.10	21.00	23.05	7.30	4.80	2.80	0.15	1.90	2.15	3	6	9	12
99	1	73.79	73.10	14.30	32	36.31	33.00	10.66	7.38	6.62	4.03	17.70	19.41	17.73	5.76	2.69	3.25	0.21	1.28	5.24	2	7	10	11
	MEDIA	49.16	67.25	13.46	30	33.46	28.47	10.57	7.25	6.26	4.97	18.13	19.48	14.61	4.84	3.17	2.77	0.24	1.67	6.41	2	7	9	10
	DST	15	14	2	4	6	6	2	2	1	2	3	3	9	3	1	1	0	1	4	1	2	3	1
	CV	28	22	18	14	16	21	19	30	21	49	16	16	70	69	37	35	66	51	60	34	26	29	13
	MAX	98.0	102.6	25.8	44	54	48	15.9	14.8	9.8	11.3	27.7	27.9	33.59	10.26	6.65	7.49	1.4	5.6	22.3	7	14	30	15
	MIN	22.0	12.4	6.3	18	18	11.5	4.27	1.6	1.8	0.5	11.9	12.4	1.2	0.35	1.09	1.2	0.04	0.25	2	2	2	4	7

CUADRO 8. Medias de 23 descriptores cuantitativos del grupo dos de jitomate (*S. lycopersicum*) nativo de México.

GEN	Grupo	X4	X6	X8	X10	X17	X18	X24	X25	X29	X38	X39	X40	X47	X48	X50	X51	X54	X55	X60	X61	X66	X67	X68
113	2	39.75	74.23	12.78	33	32.06	30.81	11.36	10.58	7.26	1.94	15.19	14.28	21.40	9.14	2.94	2.44	0.52	2.88	14.07	3	6	8	12
17	2	36.92	85.45	13.15	27	30.50	26.05	10.60	7.80	7.67	15.12	20.82	30.25	25.37	8.40	7.27	4.48	0.20	3.50	5.35	4	12	18	11
18	2	45.75	71.75	13.08	25	35.63	32.25	9.68	4.75	6.80	10.98	18.30	28.73	14.30	5.35	5.75	3.95	0.16	2.23	4.08	4	14	17	10
22	2	49.00	72.84	12.60	23	31.00	22.00	10.54	9.74	6.80	16.91	22.31	32.10	23.13	7.66	6.67	4.96	0.36	2.27	16.90	7	8	15	9
23	2	44.00	68.85	12.20	23	33.00	23.50	13.15	13.00	6.05	20.90	24.85	35.30	23.50	9.40	6.90	5.55	0.20	2.75	16.35	7	6	7	10
25	2	65.50	56.82	11.30	25	33.00	28.00	10.04	8.27	5.91	16.45	23.15	35.60	15.80	5.85	3.38	3.25	0.15	1.88	10.12	7	13	15	11
26	2	66.50	56.65	11.60	25	33.25	26.00	12.50	14.31	7.28	17.05	16.90	26.65	31.37	10.62	3.63	4.03	0.19	1.81	6.26	6	22	23	9
27	2	41.00	73.40	10.75	25	33.00	21.50	10.15	7.70	6.40	12.45	19.75	30.35	23.80	7.40	5.35	3.75	0.40	1.95	14.40	6	4	9	11
28	2	50.50	72.30	9.65	21	34.50	28.50	11.95	12.65	7.60	8.15	17.95	25.75	21.90	6.65	5.75	4.65	0.30	2.30	17.25	4	3	9	8
29	2	36.50	67.40	11.75	22	29.50	24.50	11.75	10.70	7.10	12.15	21.20	28.30	21.10	8.30	4.50	3.55	0.40	2.00	10.75	4	6	10	11
30	2	37.00	77.90	10.95	19	35.00	26.00	11.85	9.80	6.95	17.40	23.10	33.60	21.05	7.90	6.05	4.55	0.30	2.65	17.05	9	11	14	9
32	2	45.38	75.44	11.61	23	33.88	26.25	12.69	10.61	7.34	11.60	19.86	26.95	25.68	7.54	5.30	3.83	0.45	2.39	12.54	5	5	11	9
33	2	42.33	72.28	13.47	24	27.17	21.33	12.32	10.83	7.33	27.23	24.60	30.08	25.97	8.53	7.27	4.82	0.38	2.33	15.52	6	9	13	10
34	2	43.13	72.46	14.53	25	33.75	31.00	13.51	14.08	7.71	9.88	19.13	25.19	24.79	12.78	5.98	4.43	0.46	2.18	13.39	5	3	11	10
49	2	37.00	73.85	13.75	32	23.50	17.00	14.00	9.60	6.45	2.75	15.85	16.85	20.85	8.45	2.75	1.60	0.40	1.10	6.40	2	7	16	12
59	2	40.75	71.19	13.06	34	27.69	25.06	11.21	9.73	7.13	15.53	31.51	21.23	25.38	5.69	4.56	5.21	0.23	2.19	25.74	4	11	15	10
64	2	41.40	71.23	11.29	30	28.40	20.00	11.18	7.93	7.68	12.08	22.70	28.06	33.64	9.63	6.00	3.32	0.16	2.35	8.93	3	8	10	10
67	2	54.67	68.84	11.90	29	32.50	30.00	11.40	11.58	7.97	16.82	21.28	36.78	27.35	9.38	3.51	3.83	0.16	1.54	10.60	3	12	15	12
69	2	42.69	71.07	11.62	28	29.06	25.75	11.38	9.20	7.84	16.84	24.28	31.29	23.08	7.25	4.89	4.55	0.28	2.51	13.92	5	7	12	11
78	2	34.29	66.65	14.73	29	31.29	30.43	11.81	8.46	7.69	7.26	19.16	23.53	17.31	7.13	3.89	3.68	0.21	1.21	9.06	3	10	14	11
80	2	65.00	73.36	11.47	28	33.00	37.50	12.15	14.92	6.79	3.60	17.55	19.60	20.94	8.92	6.60	2.94	0.16	1.18	5.62	2	8	15	10
89	2	43.13	62.89	15.68	28	34.69	28.69	11.42	9.37	7.84	8.00	22.00	22.91	30.85	6.58	4.04	4.07	0.32	2.48	8.76	2	7	7	10
90	2	39.43	68.15	14.80	28	31.43	25.86	11.14	11.11	8.19	7.66	21.97	21.20	19.88	5.81	2.96	3.37	0.45	4.95	15.63	2	8	8	10
95	2	47.50	70.15	14.60	36	29.00	24.50	11.70	9.40	7.90	11.85	23.80	29.50	18.15	8.40	3.75	2.70	0.25	1.50	5.10	4	21	34	13
96	2	41.00	91.30	11.10	24	26.25	20.15	14.35	10.10	8.20	30.60	25.55	41.00	23.70	8.15	5.85	4.35	0.15	3.15	4.95	2	13	16	10
45	2	38.83	72.97	13.92	29	23.00	20.50	12.90	7.30	8.18	25.20	34.15	34.98	17.83	8.15	3.82	3.43	0.40	3.55	13.27	2	18	20	9
MEDIA		46.44	70.48	12.62	26	31.99	27.00	11.69	10.27	7.35	13.54	22.06	28.03	21.65	7.56	5.19	4.19	0.32	2.44	12.27	4	9	13	10
DST		9	9	2	5	5	6	2	3	1	9	5	7	6	3	2	1	0	1	6	2	5	6	1
CV		21	12	17	18	16	22	16	27	12	70	23	25	26	38	34	26	56	41	46	45	54	44	13
MAX		69.0	101	21.8	42	46.0	43.0	18.8	18	10	82	35.5	44.1	53.5	36	9.8	7.22	0.93	5.66	30.5	10	27	42	14
MIN		27	49.8	7.4	17	19	14	5.3	4.2	4.68	0.8	12.4	11.8	9.5	2.43	1.9	1.4	0.03	0.72	3.7	1	1	5	7

CUADRO 9. Medias de 23 descriptores cuantitativos del grupo tres de jitomate (*S. lycopersicum*) nativo de México.

Gen	Grupo	X4	X6	X8	X10	X17	X18	X24	X25	X29	X38	X39	X40	X47	X48	X50	X51	X54	X55	X60	X61	X66	X67	X68
46	3	62.38	72.29	14.85	32	41.13	32.63	14.64	15.78	8.69	39.08	32.16	41.03	20.00	8.23	8.65	7.58	0.59	3.95	20.84	6	8	11	9
53	3	49.00	78.61	12.73	27	33.00	24.86	11.16	8.57	7.86	57.26	35.79	47.06	23.19	6.80	8.01	5.97	0.27	3.13	21.84	6	12	23	8
54	3	50.86	74.90	14.53	33	32.86	25.14	12.01	12.21	8.29	29.00	27.89	37.73	23.16	5.67	8.89	7.84	0.40	2.57	20.67	6	6	6	8
55	3	38.00	72.86	11.91	28	27.50	19.00	10.70	10.53	7.50	37.96	28.84	43.03	27.56	9.43	8.14	6.18	0.25	2.63	22.50	7	9	12	7
56	3	52.38	64.73	13.78	35	33.00	26.00	11.05	9.58	7.61	29.89	28.10	38.56	22.11	5.51	8.95	7.35	0.43	2.76	22.85	6	6	7	8
57	3	47.88	72.10	14.29	28	33.00	26.38	11.66	11.35	8.05	27.70	26.75	37.55	24.13	8.79	7.15	5.79	0.40	2.33	20.96	6	10	15	7
68	3	44.00	75.69	12.93	28	30.25	27.25	11.72	10.89	7.63	17.01	33.45	21.65	24.41	7.66	6.78	4.24	0.55	14.51	29.73	5	10	15	11
104	3	47.75	71.64	13.43	27	33.75	24.00	11.14	10.00	7.80	19.59	24.61	31.83	3.53	0.60	8.33	5.44	0.18	7.73	24.37	5	9	14	8
105	3	31.29	74.71	13.20	25	42.00	29.14	11.61	9.79	7.43	62.90	37.53	47.69	1.67	0.77	7.44	7.44	0.53	3.26	10.19	2	11	13	8
106	3	59.63	66.81	14.49	35	36.13	35.88	11.26	11.28	7.26	27.34	30.41	38.49	25.32	7.67	10.21	7.16	0.18	2.18	14.03	3	5	9	6
92	3	31.88	76.34	12.25	24	32.88	22.75	10.95	12.04	7.06	42.99	31.13	38.20	2.90	1.08	7.06	6.86	0.53	3.26	9.43	3	9	11	9
93	3	36.13	65.31	11.88	24	32.63	24.00	11.09	10.30	7.83	44.61	30.84	47.46	3.16	1.09	7.09	6.89	0.46	4.15	10.74	3	7	9	9
83	3	37.50	75.63	12.25	22	29.63	22.38	13.08	11.05	8.61	49.73	31.09	41.65	3.05	0.89	6.13	5.74	0.45	3.34	10.23	2	9	12	7
84	3	36.50	68.40	12.73	22	28.33	21.33	11.08	9.23	7.82	22.92	28.47	34.85	3.28	1.07	6.70	6.62	0.50	3.72	12.45	3	12	17	7
85	3	48.38	62.75	19.58	24	33.56	26.75	12.68	11.96	8.73	33.08	25.05	42.41	3.14	0.70	8.58	6.08	0.51	3.31	16.70	2	10	17	7
110	3	46.50	50.11	14.59	24	31.38	28.13	13.95	10.86	8.30	36.81	33.79	41.69	1.94	0.68	7.43	6.76	0.35	3.93	23.41	5	8	13	7
111	3	31.13	69.51	13.35	26	39.38	27.38	13.75	12.08	8.46	46.35	36.16	43.96	2.30	1.04	7.61	7.60	0.61	4.36	10.39	3	8	11	7
114	3	68.38	62.87	15.66	26	32.63	30.50	12.35	10.86	7.58	23.90	27.29	41.69	24.84	7.57	5.12	5.66	0.28	3.75	12.93	3	5	9	7
24	3	42.17	71.80	13.45	24	30.33	29.00	11.21	8.83	6.58	18.20	22.23	29.13	2.78	0.77	6.56	4.85	0.17	6.65	15.61	3	11	14	10
43	3	48.13	70.38	12.43	26	33.63	24.38	12.14	12.89	8.00	36.34	30.11	40.39	25.70	7.39	8.44	5.94	0.35	5.33	23.08	9	9	12	8
44	3	43.50	85.06	12.18	25	30.25	22.88	12.14	11.08	8.23	31.81	27.35	40.20	27.74	8.79	8.39	6.95	0.71	2.98	24.50	8	9	11	7
MEDIA		45.78	71.68	13.56	27	33.24	25.98	12.17	11.16	7.95	36.20	30.19	40.16	15.68	4.92	7.71	6.39	0.40	4.12	17.71	4	9	12	8
DST		12	12	3	5	6	6	2	3	1	15	5	9	11	4	2	2	0	3	7	2	3	6	2
CV		27	16	23	20	19	22	16	27	15	42	17	22	78	81	25	26	53	78	40	47	39	45	22
MAX		93	93.7	37.2	41	53	46	17.7	20.9	11.3	79.8	47.5	92.9	34.6	10.8	14	13.8	1.9	23.3	40.84	12	20	35	14
MIN		17	33.5	9.1	13	18	10	7.7	4.47	4.4	8.8	19.6	16.4	1.4	0.1	3.55	3.11	0.09	1.2	3.2	2	1	3	3

BÚSQUEDA DE GENES DE RESISTENCIA A CUATRO PATÓGENOS DE JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) NATIVO DE MÉXICO

SEARCH RESISTANCE GENES FOUR PATHOGENS OF TOMATOE (*Solanum lycopersicum* L.) MEXICO NATIVE

J C Godínez-Aguilar, J E Rodríguez-Pérez.

RESUMEN

El presente trabajo tuvo como propósito determinar la presencia o ausencia a *Meloidogyne incognita*, Virus del mosaico del tomate, *Verticillium dahliae* y *Fusarium oxysporum*, por medio de marcadores moleculares en 101 colectas de *S. lycopersicum* L. nativo de México. En total se obtuvieron 4 de tipo SCARs (Regiones amplificadas caracterizadas y secuenciadas) y 3 de tipo ARMs (Sistema de mutación refractorio a la amplificación). Mediante marcadores codominantes se facilitó la identificación de genotipos heterocigotos. Como control positivo resistente a enfermedades se utilizó la variedad comercial "Kenton". Los resultados revelaron que entre las accesiones nativas estudiadas no se encontraron genes de resistencia a *Meloidogyne*, Virus mosaico del tomate y *Verticillium*. En el caso de *Fusarium oxysporum* se encontraron 13 accesiones con resistencia a las razas 0 y 1. La baja cantidad de resistencias genéticas puede deberse a que los patógenos considerados en esta investigación no necesariamente están presentes en alta frecuencia en condiciones naturales, situación contrastante bajo sistemas intensivos de cultivo. Las 13 accesiones nativas deberán ser evaluadas experimentalmente para corroborar la existencia de dicha resistencia.

Palabras clave: *Solanum lycopersicum*, *Fusarium oxysporum*, resistencia a enfermedades.

ABSTRACT

The present study was conducted to determine, by means of molecular markers, the presence or absence of *Meloidogyne incognita*, Tomato Mosaic Virus, *Verticillium dahliae* and *Fusarium oxysporum*, in 101 collections of *S. lycopersicum* L. native to Mexico. A total of four SCARs (characterized amplified and sequenced regions) and three ARMs (System-amplification refractory mutation) were obtained. Codominant markers facilitated the identification of heterozygous genotypes. As a positive control, the disease resistant commercial variety "Kenton" was used. The results revealed that among the native accessions studied there were no genes of resistance to *Meloidogyne*, Tomato Mosaic Virus and *Verticillium*. In the case of *Fusarium oxysporum* 13 accessions were found to be resistant to races 0 and 1. The low amount of genetic resistance may be because the pathogens involved in this research are not necessarily present at high frequency in natural conditions, contrasting with the conditions of intensive farming systems. The 13 native accessions should be evaluated experimentally to corroborate the existence of such resistance.

Key words: *Solanum lycopersicum*, *Fusarium oxysporum*, disease resistance.

I. INTRODUCCIÓN

El jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) es de mucha importancia económica a nivel mundial (Faostat, 2011). Esta especie ha sido considerada nativa de América del sur (Rick y Holle, 1990) y su amplia distribución genética en México obedece a que fue el centro de domesticación, por lo que tiene una amplia diversidad de parientes silvestres de jitomate (Peralta *et al.*, 2005); (Álvarez-Hernández *et al.*, 2009). La adaptación a diferentes ambientes, climas, suelos y enfermedades ha contribuido a la variabilidad genética de las poblaciones nativas (Warnock, 1988).

Una de las formas de aprovechar esta riqueza genética presente en poblaciones nativas, consiste en evidenciar caracteres intrínsecos como las resistencias a plagas y enfermedades, lo cual se puede realizar mediante métodos convencionales que implican diversas actividades agronómicas y el uso de grandes espacios y tiempos. Otra forma de búsqueda más sofisticada se basa en técnicas moleculares de ADN (Pagliano, 2002), que reconocen directamente las diferencias genéticas entre individuos, independientemente de las condiciones de crecimiento (Morell *et al.*, 1995). Asimismo, proporcionan información sobre frecuencias alélicas, heterocigocidad y subdivisión de una población, lo que representa grandes ahorros de trabajo, tiempo y espacio (Waugh y Powell, 1992).

Algunos de los genes de interés agronómico en este cultivo que han sido evidenciados en poblaciones y utilizados como base para el mejoramiento genético de variedades comerciales, son los que se asocian a: resistencia o tolerancia a enfermedades y plagas (Jinsin, 1999; Resende *et al.*, 2002), adaptación a diversas condiciones ambientales, resistencia a sequía, resistencia a salinidad y alcalinidad (Hoyt, 1992; Foolad, 2003; Foolad *et al.*, 2004), calidad nutricional, contenido de sólidos solubles y precocidad (Lindhout, 2005).

Otros ejemplos exitosos de la identificación de genes de beneficio son los asociados a la resistencia de nemátodo *Meloidogyne* spp (Williamson *et al.*, 1994; Kaloshian *et al.*, 1998; Ammiraju *et al.*, 2003); *Mi-1* (Milligan *et al.*, 1998) y *Mi-3* (Yaghoobi *et al.*, 1995) presentes inicialmente en jitomate nativo *S. peruvianum* e introducidos por cruce directa con jitomate cultivado *S. lycopersicum*; así como el gen *Mi-9* presente en *Solanum arcanum* (Jablonska *et al.*, 2007).

Para explorar las características de más de 40 accesiones de jitomate, Arens *et al.*, (2010) utilizaron marcadores moleculares asociados a 8 genes de resistencia a enfermedades. Estos autores afirmaron que la presencia de un locus polimórfico específico, puede corresponder a la presencia de un gen de resistencia a enfermedad. La caracterización molecular coincidió con la verificación en campo.

Ante la disponibilidad de herramientas moleculares y las evidencias de presencia de genes de resistencia a enfermedades en poblaciones nativas, se planteó la búsqueda de genes de resistencia a *Meloidogyne incognita* (Mi), Virus del mosaico del tomate (ToMV), *Verticillium dahliae* (Ve) y *Fusarium oxysporum* (Fo) en 101 accesiones de jitomate nativo de México.

II. OBJETIVO

Determinar si 101 colectas de jitomate nativo de México portan genes de resistencia a *Meloidogyne incognita*, Virus del mosaico del tomate, *Verticillium dahliae* y *Fusarium oxysporum* mediante marcadores dominantes y codominantes para incorporarlos al programa de mejoramiento de la Universidad Autónoma Chapingo.

III. HIPÓTESIS

Debido a la diversificación genética del jitomate ocurrida en México por su amplia distribución ecológica, es posible identificar la presencia de genes de resistencia a enfermedades en algunas de las accesiones a evaluar.

IV. REVISIÓN DE LA LITERATURA

4.1 Importancia económica del jitomate

La importancia económica a nivel mundial del jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) es considerable ya que en el 2009 se alcanzó una producción de 150 956 115 toneladas (Faostat, 2011). Este cultivo ha sido considerado nativo de América del Sur, porque su distribución en México, y otros países de América ha sido relativamente reciente (Rick y Holle, 1990).

El jitomate nativo puede crecer en diferentes áreas geográficas desde el nivel del mar hasta los 3,300 msnm, incluyendo zonas áridas y húmedas de la costa del Pacífico hasta tierras altas de los Andes. Esta adaptación a diferentes ambientes, climas, suelos y enfermedades, ha contribuido a la variabilidad genética de las poblaciones nativas (Warnock, 1988).

Como centro de domesticación, México posee amplia diversidad genética de jitomate (Álvarez-Hernández *et al.*, 2009) ya que cuenta con una amplia diversidad de parientes silvestres, entre los que se mencionan: (*Solanum cheesmaniae*); (*S. pimpinellifolium*); (*S. chmielewskii*); (*S. neorickii*); (*L. parviflorum*); (*S. habrochaites*); (*L. hirsutum*); (*S. chilense*); (*S. peruvianum*); (*S. penelli*) (Peralta *et al.*, 2005), esta diversidad tiene gran relevancia como reservorio de genes que pueden conferir diferentes características y ser transferidas a variedades comerciales, como atributos de calidad de fruto y resistencias a factores adversos tanto bióticos como abióticos.

Respecto al control de patógenos, la incorporación de resistencias genéticas en comparación con el control químico, genera disminuciones apreciables de costos de producción, además de ser amigable con el ambiente, por lo que en términos de sustentabilidad es un sistema mucho más viable; así, la identificación de genes de resistencia para su empleo en el mejoramiento genético del cultivo, es fundamental bajo este enfoque. Esta identificación puede ser facilitada mediante el empleo de marcadores moleculares (Pagliano, 2002).

De hecho, el jitomate fue una de las primeras especies en las que se emplearon los marcadores moleculares, como criterio de selección indirecta dentro de programas de

mejoramiento genético y para los cuales los marcadores y mapas genéticos han sido desarrollados (Tanksley, 1983; Foolad, 2007).

4.2 Importancia del locus *Mil-2* de *Meloidogyne incognita*

La importancia del estudio de este patógeno se debe a que en el mundo existen varias especies de nemátodos, sin embargo, *M. incognita* es la especie dominante que causa más daños en la agricultura (Agrios, 2004). Su incidencia en México se ha reportado en diversos estados (Castro *et al.*, 1990; Cid del Prado *et al.*, 1998; Godoy y Yañez, 1999; Montes, 1988). A principios de los 80's, el marcador izoenzimático ácido fosfatasa (Locus *Aps-1^I*) fue sugerido como un criterio de selección indirecta para el mejoramiento de resistencia a nemátodos (Medina-Filho y Stevens, 1980).

Hasta la fecha, se han desarrollado diversos marcadores moleculares de ADN basados en PCR (CAPS, RAPD y SCAR) para la identificación y selección de materiales con el gen *Mi*. La región *Mi* (1MB) originaria de *S. peruvianum* se localiza en el brazo corto del cromosoma 6 (Panthee y Foolad, 2012). El locus contiene tres regiones ORFs (Fragmento de lectura abierta) de las cuales dos codifican genes intactos llamados *Mil-1* y *Mil-2* y la tercera es un pseudogen (Milligan *et al.*, 1998); es decir, se trata de un gen que puede ser resultado de un deshabilitamiento dentro de una región génica anteriormente funcional (Rouchka y Cha, 2009).

El gen *Mil-2* por si solo es suficiente para conferir resistencia a *M. incognita*, *M. javanica* y *M. arenaria* (Arens *et al.*, 2010).

4.3 Importancia del locus *Tm-1*, *Tm2* y *Tm2²* en Virus del mosaico del tomate

El gen *Tm1*, originario de *S. habrochaites* confiere resistencia a ToMV razas 0 y 2. El gen ha sido mapeado en el brazo corto del cromosoma 2, y su secuencia no ha sido determinada. Ohmori *et al.*, (1996) describieron seis marcadores SCARS estrechamente vinculados; sin embargo, su distancia también es desconocida, cabe mencionar que tampoco se han detectado plantas recombinantes para ninguno de estos marcadores, así mismo, en conjunción con los iniciadores Lat1 F/Lat2 R se han seleccionado variedades de jitomate.

Los alelos *Tm2* son originarios de *S. peruvianum* y mapeados en el cromosoma 6. El alelo *Tm2* confiere resistencia a ToMV cepas 0 y 1, mientras que *Tm22* confiere resistencia a ToMV razas 0, 1 y 2. Las secuencias de ambos alelos tanto el susceptible como el de resistencia, fueron publicados por Lanfermeijer *et al.*, (2003, 2005).

4.4 Importancia del locus *Ve-1* y *Ve-2* de *Verticillium dahliae*

La resistencia a *V. dahliae* raza 0 fue encontrada en *S. lycopersicum* de una línea nativa del Perú (Schaible *et al.*, 1951) y mapeado en el cromosoma 9. La caracterización del locus *Ve* tiene dos genes estrechamente ligados, los cuales confieren resistencia a *V. alboatrum* en plantas de papa (Kawchuk *et al.*, 2001), los dos genes fueron nombrados *Ve-1* y *Ve-2*, y se han desarrollado iniciadores específicos para amplificarlos.

Ve-1 y *Ve-2* se han utilizado para amplificar fragmentos tanto en variedades susceptibles como resistentes. En total se han secuenciado un fragmento de 721 pb del gen *Ve-2* y cuatro segmentos superpuestos del gen *Ve-1* entre la posición 1.466 en la 5'UTR a la posición 4,481 (posiciones sobre AF272367), abarcando 2,988 pb del gen (3,016 pb en total). Desde ahí los SNPs encontrados entre las secuencias de *V. dahliae* susceptible y las variedades resistentes se utilizaron para el desarrollo de cuatro iniciadores ARMS-PCR de tipo codominante (Kawchuk *et al.*, 2001).

4.5 Importancia del locus 1 e 12 de *Fusarium oxysporum*

La resistencia a la raza 0 de *F. oxysporum* (Fo1:0, ex raza 1) fue introducida desde *S. pimpinellifolium*. El locus 1 fue mapeado en el brazo corto del cromosoma 11 (Ori *et al.* 1997; Sela-Buurlage *et al.*, 2001; Scott *et al.*, 2004) situado entre los marcadores RFLP, TG523 y TG7 a una distancia aproximada de 3.8 cM, los datos de secuencia, para ambos fragmentos, son utilizados para diseñar iniciadores y amplificar fragmentos en variedades resistentes y susceptibles.

El locus *I2* fue introducido en jitomate de *S. pimpinellifolium* y confiere resistencia a la raza 1 del hongo *F. oxysporum* (Sela-Buurlage *et al.*, 2001) y mapeado en el brazo largo del cromosoma 11 (Ori *et al.*, 1997). Este locus codifica para una proteína de 1,266

aminoácidos y pertenece al sitio de unión a nucleótido (NBS), repeticiones ricas en leucina (LRR), característico de la familia de plantas con genes de resistencia (GenBank no. AF118127).

I2 es un miembro de un locus de resistencia del complejo con seis miembros (*I2*, *I2C1*, *I2C2*, *I2C3*, *I2C4* y *I2C5*) dentro de los 90 kb denominado familia de genes *I2C* (Simons *et al.*, 1998). Además de *I2*, la secuencias completas de *I2C1*, *I2C2* y *I2C5* están disponibles (GenBank no. AF004878, AF004879 y AF408705 respectivamente), mientras que para *I2C3* y *I2C4* sólo están disponibles las secuencias que codifican las repeticiones ricas en leucina (GenBank no. AF004880 y AF004881). Algunos de estos miembros comparten gran similitud de secuencia con *I2*, pero no pueden conferir completa resistencia a *F. oxysporum* raza 1.

V. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1 Localización del sitio experimental

El presente trabajo se realizó en las instalaciones de la Universidad Autónoma Chapingo, localizada en Texcoco, Estado de México, (19° 20' 34.61" LN y 98° 53' 06.93" LO, a 2254 msnm).

5.2 Material experimental

Dentro del programa de mejoramiento genético de jitomate de la UACH, se realizaron 101 colectas de jitomates nativos (*S. lycopersicum*) en los estados de Oaxaca, Guerrero, Chiapas, Veracruz, Hidalgo, Michoacán y Guanajuato.

5.3 Extracción de ADN

Cada accesión se sembró en charolas de polipropileno con sustrato turba, 15 días después de su emergencia a partir de un pool de 8 plántulas por accesión se procedió a la extracción de ADN. Se obtuvo 0.3 g de tejido que se colocaron en un mortero previamente enfriado con nitrógeno líquido; se agregó nitrógeno líquido y se maceró hasta obtener un polvo fino, el cual se transfirió a 700 µL de amortiguador de extracción contenidos en un microtubo de 1.5 mL precalentado a 65 °C en el termoblock. El microtubo se agitó hasta homogeneizar; en seguida se calentó nuevamente a 65 °C en el termoblock durante 10 minutos y se agregaron 200 µL de acetato de potasio 5M; la muestra se enfrió en hielo por 60 minutos y se centrifugó durante 20 minutos a 12,000xg. El sobrenadante se transfirió a otro microtubo con 600 µL de isopropanol preenfriado y se dejó a -20 °C por 60 minutos para precipitar el ADN. Posteriormente se centrifugó a 6000xg durante 5 minutos y se decantó. A la pastilla de ADN, se agregaron 700 µL de solución para disolver. Una vez disuelto el ADN, se le adicionaron 4 µL de ARNasa y se incubó a 37 °C durante una hora. Posteriormente el ADN fue reprecipitado durante dos horas con 75 µL de acetato de sodio 3 M y 500 µL de isopropanol frío. Después fue centrifugado a 8000xg durante 5 minutos, se eliminó el sobrenadante y la pastilla de ADN fue lavada con etanol (grado reactivo) a 70 %. Nuevamente se centrifugó a 8000xg durante 5 minutos, se eliminó el sobrenadante y el ADN fue secado a temperatura ambiente. Finalmente se disolvió en 50 µL de TE y se almacenó a 4 °C.

5.4 Evaluación de la cantidad y calidad de ADN

Se determinó la cantidad de ADN en ng/ μ L en las muestras y para ello se utilizó un nanodrop (marca BIO-RAD modelo DD-1000 ®); enseguida se realizaron diluciones en todas las muestras a una concentración de 10 ng/ μ L. Para determinar la calidad del ADN se procedió a seleccionar al azar 40 accesiones y posteriormente se preparó un gel a 0.8 %, colocando en un matraz 0.8 g de agarosa con 100 ml de amortiguador TAE 1X (Tris base 40 mM, pH 7.8; acetato de sodio 20 mM y EDTA 2 mM, pH 8.0); la mezcla se hirvió hasta disolver los componentes, la cual al enfriarse se dispuso en el portageles hasta solidificarse, se colocó en una cámara de electroforesis y se cubrió con amortiguador de corrida TAE 0.25 X. En seguida se colocó sobre papel parafilm 2 μ L de amortiguador de carga (0.2 % azul de bromofenol, 0.2 % xileno cianol, 25 % glicerol, 5 mM EDTA, 50 mM Tris-HCl, pH 8.0), mismos que se mezclaron con 10 μ L de cada muestra; posteriormente se colocaron en los pozos centrales del gel. Finalmente, se realizó la electroforesis con 90 voltios durante 1.5 h. Concluida la electroforésis, el gel se removió y se tiñó en una solución a base de bromuro de etidio (0.6 μ g/ μ L en TAE 1 X) por 20 minutos. Después se escurrió y se tomó una foto con ayuda de un fotodocumentador de luz UV (Marca UVP; Modelo DigiDoc-It ®) (Figura 1).

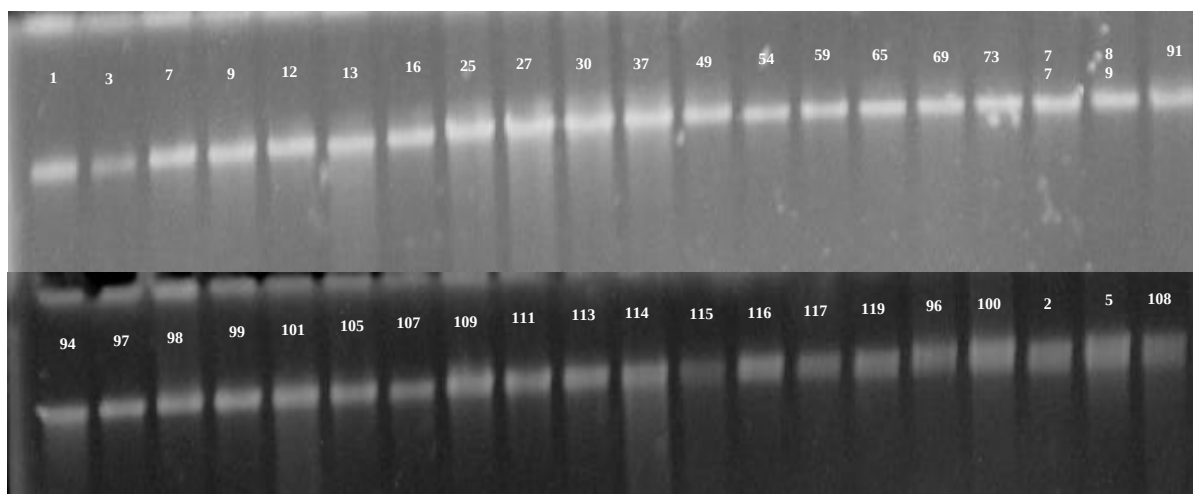


FIGURA 1. Gel de agarosa al 0.8 % para la prueba de calidad de ADN

5.5 Caracterización molecular

Para la búsqueda de genes de resistencia a enfermedades en las 101 accesiones de jitomate evaluadas se emplearon los marcadores moleculares que se presentan en el Cuadro 1. En total se emplearon 13 iniciadores todos basados en PCR, los cuales incluyen regiones amplificadas caracterizadas y secuenciadas (SCARs), secuencias polimórficas amplificadas y cortadas (CAPS) y sistema de mutación refractario a la amplificación (ARMS). Se utilizó la variedad comercial “Kenton” (VK) resistente a Mi, ToMV, Ve y Fo. La amplificación se realizó en un termociclador (Marca Techne; Modelo Tch12 ®). Para identificar correctamente las bandas obtenidas; en la mayoría de los casos se utilizó un marcador de peso molecular de 1 kb y en otros casos uno de 100 pb. Las bandas fueron identificadas según se muestran en el Cuadro 1. En todos los casos se prepararon geles de agarosa a 3 ó 4 % según se requirió para la identificación óptima de la banda correspondiente al gen de resistencia en cuestión, amplificados por PCR, posteriormente se tomaron 10 µL de los productos y se cargaron en los geles adicionando 2 µL de azul de bromofenol. Los geles sumergidos en un amortiguador TAE al 0.25 X, fueron colocados en una cámara de electroforesis a 190 Volts, durante 2 horas y 30 minutos. Posteriormente se procedió a la visualización de los geles mediante luz ultravioleta y captura de la imagen obtenida por medio de fotodocumentador.

CUADRO 1. Iniciadores utilizados en 101 colectas de *S. lycopersicum*, amplificación de productos y condiciones de PCR

Patógeno y gen de resistencia involucrado	Nombre del Iniciador	Secuencia (5-3) ^a	Tipo de		Amplificación de productos (pb)			Referencia
			prueba	Banda R	Banda S	Otro		
<i>M. incognita</i> Mi1-2	PMiF3	GGTATGAGCATGCTTAATCAGAGCTCTC	SCAR co-dominante	550	350		Mehrch <i>et al.</i> , (2005)	
	PMiR3	CCTACAAGAAATATTATTGCGTGTGAATG						
	SCN20F	GGTGCTCCGTCGATGCAAAAGTGCA	SCAR dominante + Iniciadores LAT ^b	1400	-	(Producto Lat) 92	Ohmori <i>et al.</i> , (1996)	
	SCN20R	GGTGCTCCGTAGACATAAAATCTA						
ToMV Tm-2/Tm2 ^c	Iniciador externo	GGGTATACTGGGAGTGTCCAATTC	Cuatro iniciadores ARMS	214 (Tm2 ²)		417	Lanfermeijer <i>et al.</i> , (2005)	
	Ensayo 1	TMV-2262F	co-dominante	255 (Tm2)				
	SNP2493/2494	Iniciador externo	CCGTGCACGTTACTTCAGACAA					
		TMV-2678R						
ToMV Tm-2/Tm2 ^c	Tm2 ² SNP 2494F	CTCATCAAGCTTACTCTAGCCTACTTTAGT						
	Tm2 SNP2493 R	CTGCCAGTATATAACGGTCTACCG						
	Iniciador externo	CGGTCTGGGGAAACAACACTCT	Cuatro iniciadores ARMS	179 (Tm2 ²)	382 (tm2)	509	Lanfermeijer <i>et al.</i> , (2005)	
	Ensayo 2 SNP901	TM2-748F	co-dominante Tm2 ²)					
<i>V. dahliae</i> Ve1	Iniciador externo	CTAGCGGTATACCTCCACATCTCC						
		TM2-1256R						
	TM2- SNP901misR	GCAGGTGTCTCTCCAAATTTTCC ATC						
	TM2- SNP901misF	CAAAITGGACTGACGGAACAGAAA GTT						
	Iniciador externo	CCTTGATGGGTTGATCTTTTCGT	Cuatro iniciadores ARMS	476	158	580	Kawchuk <i>et al.</i> , (2001)	
	Ensayo SNP2199	Ve1_2072F	co-dominante					
	Iniciador externo	GTAGGTGAGTTTCTTGGACAGTCGA						
		Ve1_2651R						
	Ve1_SNP2199ft	CAGGCCCTTTGGATGAATCAC ATT						
	Ve1_SNP2199Ra	GTTGGACAAAAGAGAGAAAAGTGAAGCTA AGT						
<i>V. dahliae</i> Ve2	Ve1_SNP2199F1f	CAGGCCCTTTGGATGAATCACT AT						
	Ve1_SNP2199R1f	GTTGGACAAAAGAGAGAAAAGTGAAGCTTACT						
	Iniciador externo	GGATCTTAGCTCACTTTATGTTTTTGAAC	Cuatro iniciadores ARMS	242	131	321	Kawchuk <i>et al.</i> , (2001)	
	Ensayo SNP 2827	Ve2_2720F	co-dominante					
	Iniciador externo	GGTGCTGGTTTCAACTCTGAAGT						
		Ve2_3040R						
	Ve2_SNP2827F	CAAAATGCTTGAATCACTAGACCTGTGAAC						
	Ve2_SNP2827R	GGATCTCCCCGGACAGGTGG ATT C						
	At2-F3	CGAATCTGTATATTACATCCGTCGT	SCAR dominante + Iniciadores LAT ^b	130		(Producto Lat) 92	Ori <i>et al.</i> , (1997)	
	At2-R3	GGTGAATACCGATCATAGTCGAG					Scott <i>et al.</i> , (2004)	
<i>F. oxysporum</i>	Z1063F	ATTTGAAAACGCTGGTATTGC	SCAR dominante + Iniciadores Rubisco ^d	940		(Producto Rub) 1380	Simons <i>et al.</i> , (1998)	
	Z1063R	CTTAAACTCACCATTAAATC						

a La base específica SNP que esta en negrita, la base subrayada cambia deliberadamente para crear un apareamiento con el templado

b Iniciadores control Lat: Lat1-F AGACCACGAGAACGATATTGC, Lat2-R TTCTTGGCTTTTCATATCCAGACA

c El segundo grupo de iniciadores con apareamiento deliberado cercano al iniciador SNP 3´ se obtienen mejores resultados en algunos laboratorios

d Iniciadores control Rubisco: Rub-F ATGTCACCAACAAACAGAGAC, Rub-R CTCACAAGCAGCAGCTAG (Arens *et al.*, 2010)

5.6 Condiciones de reacción para la detección del gen de resistencia *Mil-2* a *Meloidogyne incognita*

El volumen de reacción para la PCR fue ajustado a 25 µL, conteniendo 10 µL de dNTPs 200 µM, 2.5 µL de amortiguador 1x, 1.5 µL de MgCl₂ 3 mM, 0.3 µL de DNA Taq polimerasa, 3 µL de cada iniciador (PMiF3 y PMiR3) con concentración de 30 ng/µL, 2.5 µL de ADN y 2.2 µL de agua grado biología molecular. Las condiciones de amplificación fueron las siguientes: 1 ciclo de desnaturalización a 94 °C por 1 min, luego 35 ciclos a 94 °C por 30 segundos, alineación a 55 °C por 1 minuto y amplificación a 72 °C por 1 minuto. Estos ciclos fueron completados por un último ciclo a 72 °C por 10 minutos y los productos obtenidos se conservaron a 4 °C.

5.7 Condiciones de reacción para la detección de los genes de resistencia *Tm-1*, *Tm-2/Tm2^c* ensayo 1 y *Tm-2/Tm2^c* ensayo 2 al Virus Mosaico del Tomate

La mezcla de reacción se preparó tal y como se describió en el párrafo anterior, sin embargo, para la identificación del gen de resistencia “*Tm-1*” se añadió 1.5 µL de cada primer (SCN20F y SCN20R), así como 1.5 µL de los iniciadores LAT1-F y LAT2-R. Para el caso de la identificación del gen “*Tm-2/Tm2^c* ensayo 1” se añadió 1.5 µL de cada iniciador (TMV-2678R, TMV-2262F, TM2²-SNP2494F y TM2-SNP2493R). En el caso del gen “*Tm-2/Tm2^c* ensayo 2” se tomaron 1.5 µL de cada iniciador (TM2-748F, TM2-1256R, TM2-SNP901misR y TM2-SNP901misF). Todos los iniciadores fueron preparados a una concentración 30 ng/µL, y se adicionaron 2.5 µL de ADN y 2.2 µL de agua grado biología molecular. Las condiciones de amplificación fueron las siguientes: 1 ciclo de desnaturalización a 94 °C por 1 min, 40 ciclos a 94 °C por 30 segundos, alineación a 65 °C por 1 minuto y amplificación a 72 °C por 1 minuto. Finalmente se realizó un ciclo a 72 °C por 10 minutos.

5.8 Condiciones de reacción para la detección de los genes de resistencia *Ve-1* y *Ve-2* a *Verticillium dahliae*

Para el caso de la identificación del gen de resistencia “*Ve-1*” se agregó 1 µL de cada iniciador (Ve1_2072F, Ve1_2651R, Ve1_SNP2199Ft, Ve1_SNP2199Ra, Ve1_SNP2199F1t^c y Ve1_SNP2199R1a^c). Para el gen “*Ve-2*” se añadieron 1.5 µL de cada iniciador (Ve2_2720F, Ve2_3040R, Ve2_SNP2827F, Ve2_SNP2827R). Las condiciones de amplificación fueron: 1 ciclo de desnaturalización a 94 °C por 1 min, 40 ciclos a 94 °C por 30 segundos, alineación a 65 °C para *Ve-1* 66 °C para *Ve-2* por 1 minuto y amplificación a 72 °C por 1 minuto. Finalmente se realizó un último ciclo a 72 °C por 10 minutos.

5.9 Condiciones de reacción para la detección de los genes de resistencia a raza 0 I y raza 1 I2 de *Fusarium oxysporum*

Para la identificación del gen de resistencia a la “raza 0 I” se añadieron 1.5 µL de cada iniciador (At2F3 y At2R3), así como 1.5 µL de los iniciadores LAT1-F y LAT2-R. Para la identificación del gen de resistencia a la “Raza 1 I2” se tomaron 1.5 µL de cada iniciador (Z1063F y Z1063R) así como 1.5 µL de los iniciadores (Rub-F y Rub-R). Las condiciones de amplificación fueron: 1 ciclo de desnaturalización a 94 °C por 1 min, 40 ciclos a 94 °C por 30 segundos, alineación a 58 °C por 1 minuto y amplificación a 72 °C por 1 minuto. Estos ciclos fueron seguidos por un ciclo a 72 °C por 10 minutos.

VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

6.1 Búsqueda del gen de resistencia *Mil-2* a *Meloidogyne incognita*

En la Figura 2 se muestra los patrones de bandeo obtenidos de las 101 accesiones de jitomate nativos evaluados. Puede apreciarse que 100 de los 101 materiales evaluados presentaron la banda de susceptibilidad correspondiente al fragmento de 350 pb y únicamente el híbrido comercial Capito (G-45) presentó dos bandas: la de 350 pb y la banda de resistencia de 550 pb. Estos resultados sugieren que los materiales evaluados son genéticamente susceptibles a *M. incognita*. La presencia de ambas bandas en el híbrido Capito coinciden con los resultados de Mehrach *et al.*, (2005) y Arens *et al.*, (2010), quienes encontraron la presencia de ambas bandas en las variedades Dominique y Sheriff y afirmaron que ambos materiales eran heterocigotos para el gen *Mil-2*. (Figura 2)

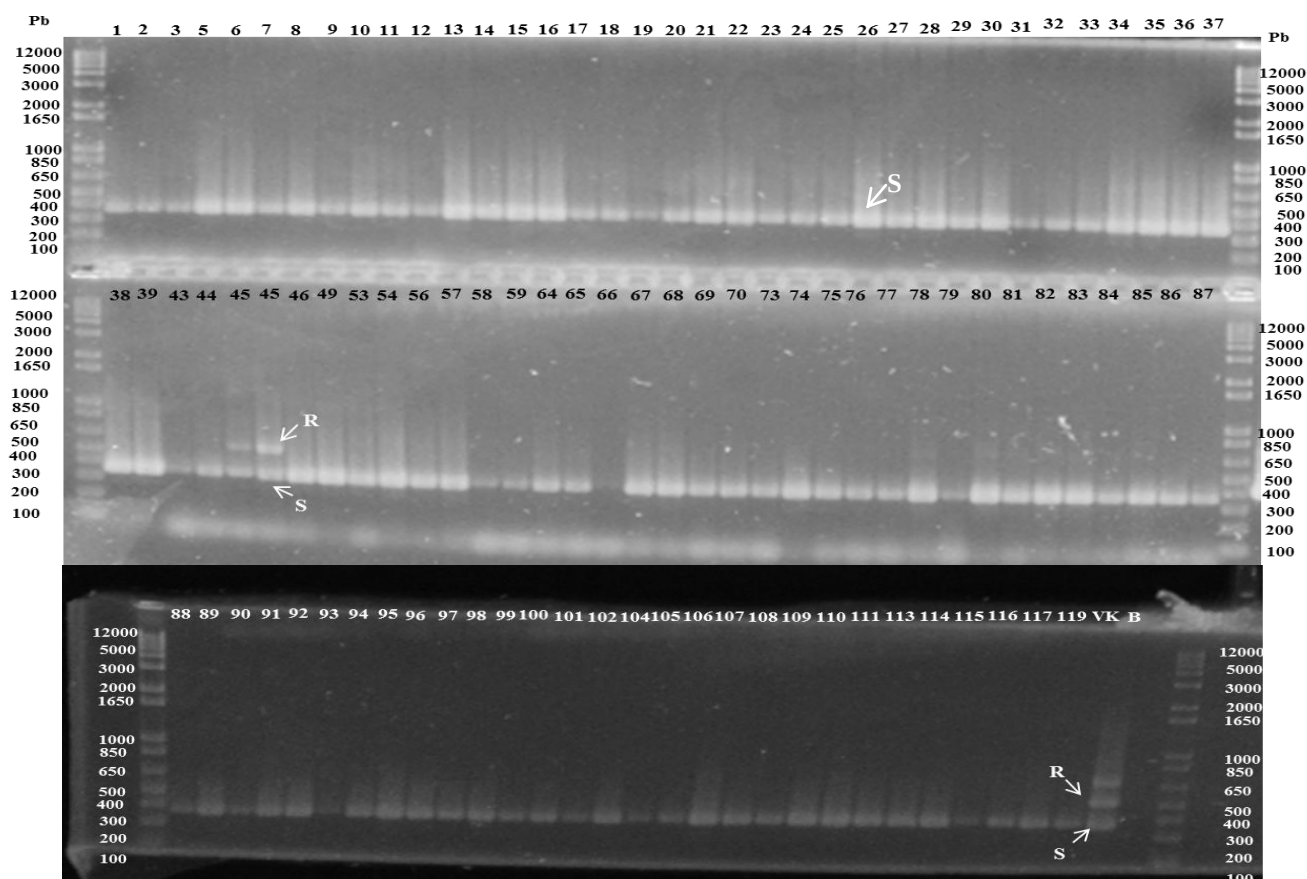


FIGURA 2. Patrón de bandeo de los iniciadores PMiF3 y PMiR3 para la identificación del gen de resistencia *Mil-2* a *M. incognita*, en 101 accesiones de jitomate nativo. R= Resistencia, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad comercial “Kenton” y B=Blanco.

A diferencia de lo encontrado en este trabajo, en otros países se ha tenido éxito en la detección de genes de resistencia a enfermedades en poblaciones nativas. Cap *et al.*, (1993) y Yaghoobi *et al.*, (1995) encontraron resistencia a nemátodos del género *Meloidogyne* spp. en diversas accesiones de jitomate nativo de EUA.

6.2 Búsqueda del gen *Tm-1* de resistencia a Virus del mosaico del tomate

Todos los genotipos presentaron una banda de 92 pb aproximadamente, la cual corresponde al control interno del iniciador reportado por Ohmori *et al.*, (1996). La aparición de una sola banda exceptuando las accesiones 5, 21, 27, 29, 35, 82 y 83 permite concluir que con los iniciadores (SCN20F y SCN20R) no se obtuvo ningún polimorfismo de resistencia al gen *Tm-1*, ni en accesiones nativas ni en la variedad comercial “Kenton”, ya que el fragmento de resistencia esperado era de 1400 pb tal como lo reportan Ohmori *et al.*, (1996). Por otro lado, la aparición de una banda de 600 pb en las accesiones 5, 21, 27, 29, 35, 82 y 83 puede estar asociada principalmente a tres razones: a) un gen homologo al de resistencia; b) un pseudo gen; y c) amplificación no específica de iniciador.

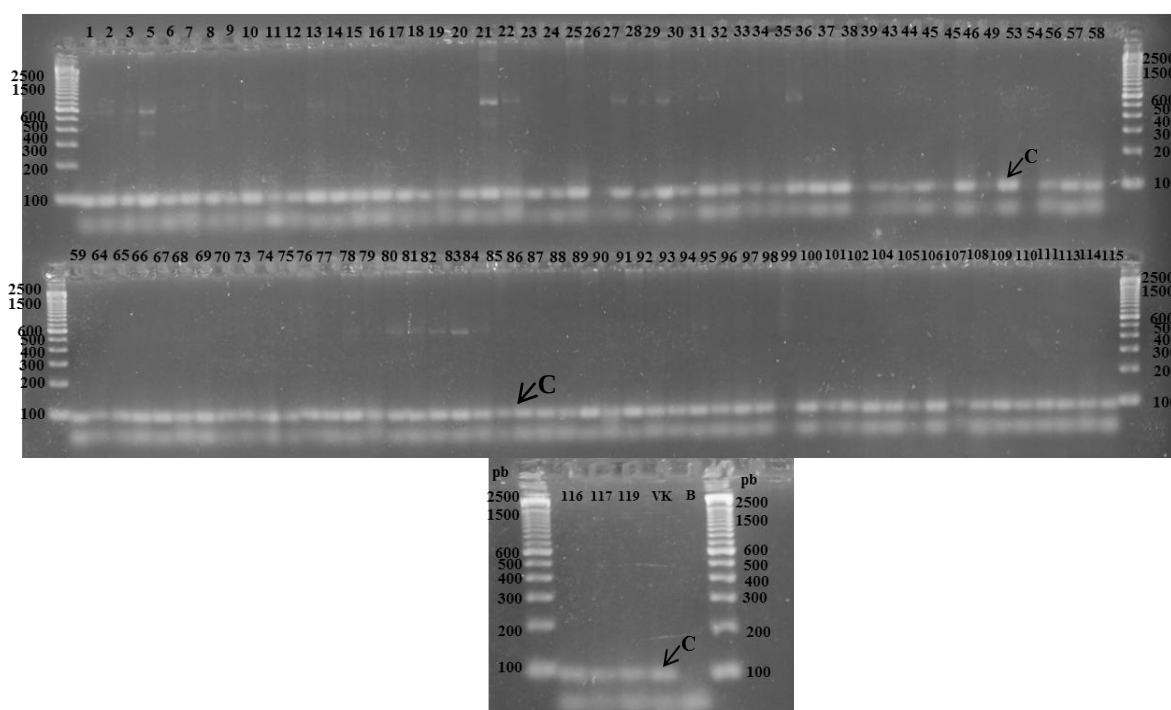


FIGURA 3. Patrón de bandeo de los iniciadores SCN20F, SCN20R, Lat-1F y Lat-1R para la identificación del gen de resistencia *Tm-1* a Virus del mosaico del tomate en 101 accesiones de jitomate nativo. C = Control externo del iniciador, Vk= Variedad “Kenton” y B=Blanco.

6.3 Búsqueda del gen *Tm-2/Tm2^c* “Ensayo 1” de resistencia a Virus del mosaico del tomate.

Todos los genotipos presentaron una banda de 417 pb aproximadamente, la cual corresponde al control externo del iniciador TMV-2262F y TMV-2678R y a lo reportado por Lanfermeijer *et al.*, (2005). No se obtuvo ningún polimorfismo de resistencia al gen *Tm-2/Tm2^c* en las accesiones evaluadas con los iniciadores SNP 2494F y SNP 2493R. Sin embargo, el control positivo variedad “Kenton” presentó dos polimorfismos, uno de 214 pb que está ligado al gen de resistencia y otra de 417 pb, por lo que se puede concluir que todos los materiales nativos son genéticamente susceptibles a excepción del control positivo que presentó una homología de resistencia. De acuerdo con los datos de Lanfermeijer *et al.*, (2005) y Arens *et al.*, (2010) la banda de 214 pb y 255 pb están directamente relacionadas con la expresión de los genes de resistencia *Tm2²* y *Tm2*. (Figura 4)

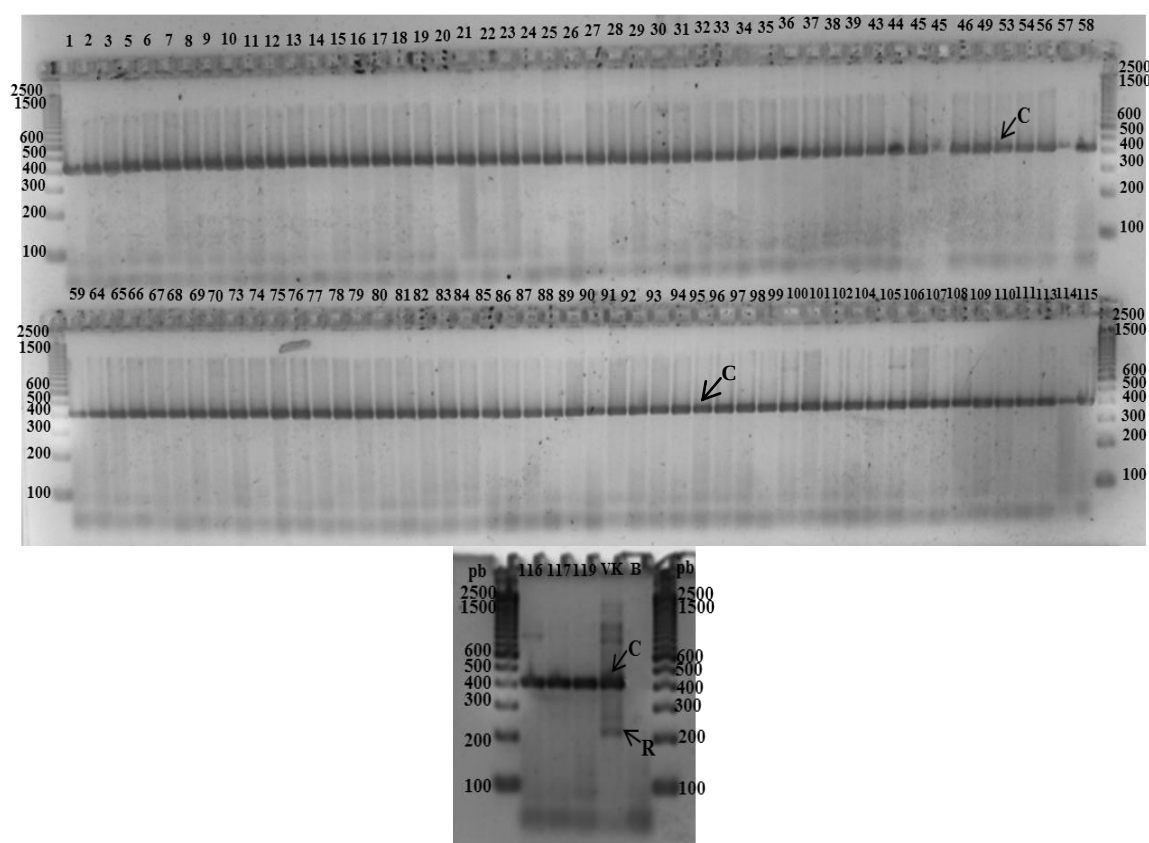


FIGURA 4. Patrón de bandeo de los iniciadores TMV-2262F, TMV-2678R, SNP 2494F y SNP 2493R para la identificación del gen de resistencia *Tm2/Tm2^c* “ensayo 1” a Virus del mosaico del tomate en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco.

6.4 Búsqueda del gen *Tm2/Tm2^c* “Ensayo 2” de resistencia a Virus del mosaico del tomate

Todos los genotipos presentaron una banda de 509 pb aproximadamente, producto de la amplificación del iniciador TM2-748F y TM2-1256R y correspondiente al control externo.

Asimismo se observó en la mayoría de las accesiones nativas una banda de 382 pb, la cual corresponde al locus ligado al gen de susceptibilidad *Tm2*. Al menos cinco accesiones no presentaron el gen de susceptibilidad y corresponden a las accesiones 26, 45, 59, 81 y 114.

No obstante la accesión 45 que presentó dos bandas, una de 509 pb (control) y otra de 179 pb (resistencia) se puede inferir al respecto que ésta accesión es homocigota para el gen de resistencia *Tm2*. Además, debido a la naturaleza codominante del marcador, fue muy fácil distinguir los genotipos homocigotos resistentes, heterocigotos y homocigotos susceptibles. Es probable que la variedad Kenton sea una línea heterocigota para el gen *Tm2* ya que ésta además de haber presentado el locus *Tm2* de resistencia, presentó un polimorfismo de 382 pb, correspondiente al locus ligado al gen de susceptibilidad “*tm2*”, por lo tanto se puede inferir que el genotipo de la variedad Kenton es *Tm2/tm2* “Heterocigoto” y el de híbrido Capito es *Tm2/Tm2* “Homocigoto resistente”. (Figura 5)

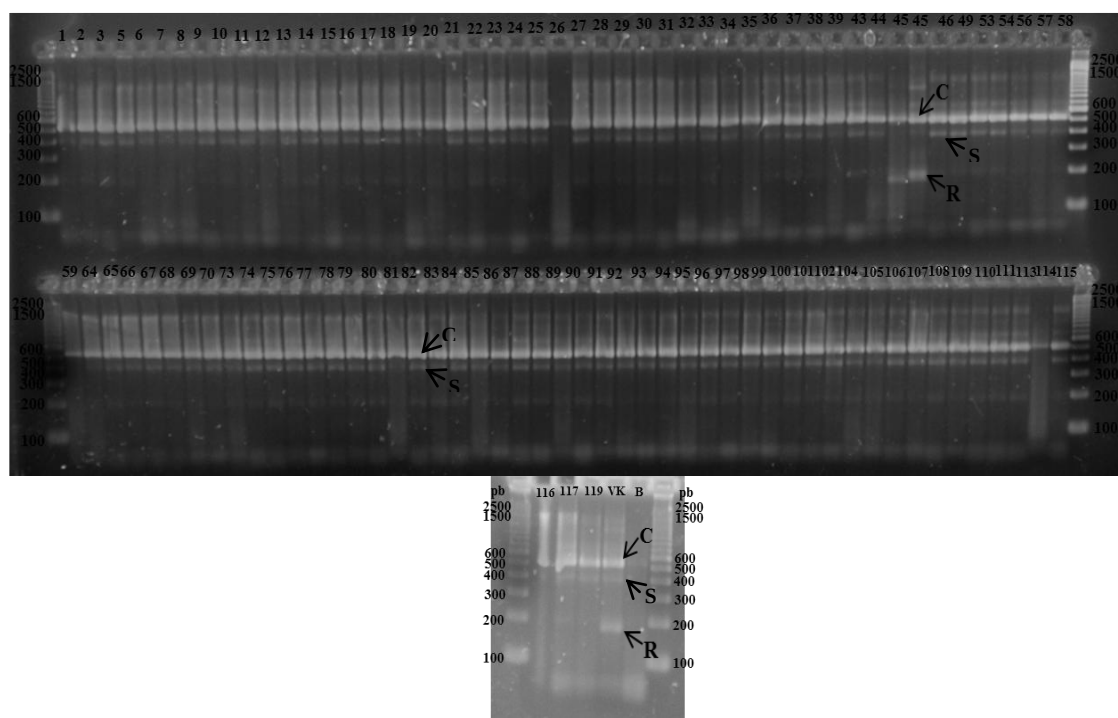


FIGURA 5. Patrón de bandeo de los iniciadores TM2 748F, TM2 1256R, SNP1misR y SNP1misF para la identificación del gen de resistencia *Tm2/Tm2^c* “ensayo 2” a Virus del mosaico del tomate en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco.

6.5 Búsqueda del gen *Ve-1* de resistencia a *Verticillium dahliae*

Todos los genotipos presentaron una banda de 580 pb, dicha banda corresponde a la amplificación del control externo Ve1_2072F y Ve1_2651R. Conjuntamente todas las accesiones nativas presentaron un fragmento de 158 pb, dicha banda corresponde al locus de susceptibilidad, por lo que se puede concluir que todos los materiales nativos son genéticamente susceptibles a *V. dahliae* raza 1. El polimorfismo observado en la variedad Kenton se presentó únicamente dos fragmentos, uno de 580 pb y otro de 476 pb aprox., esto derivado de la prueba SNP2199, dichos datos coinciden con lo reportado por Kawchuk *et al.*, (2001) y Arens *et al.*, (2010).

El fragmento de 476 pb aproximadamente corresponde al locus ligado al gen *Ve-1* de resistencia a *V. dahliae* por lo que se puede concluir que la variedad Kenton es homocigota para dicho gen de resistencia. (Figura 6)

En adición a los resultados obtenidos, es preciso mencionar que autores como De Jonge *et al.*, (2012) encontraron resistencia homóloga al hongo *F. oxysporum* Razas 0 y 1 en plantas que poseen el gen *Ve-1* de resistencia al hongo vascular *V. dahliae*, resultados que pueden corroborarse en el patrón de bandeo de la Figura 8 donde se aprecia que la variedad Kenton también es resistente para dicha raza.

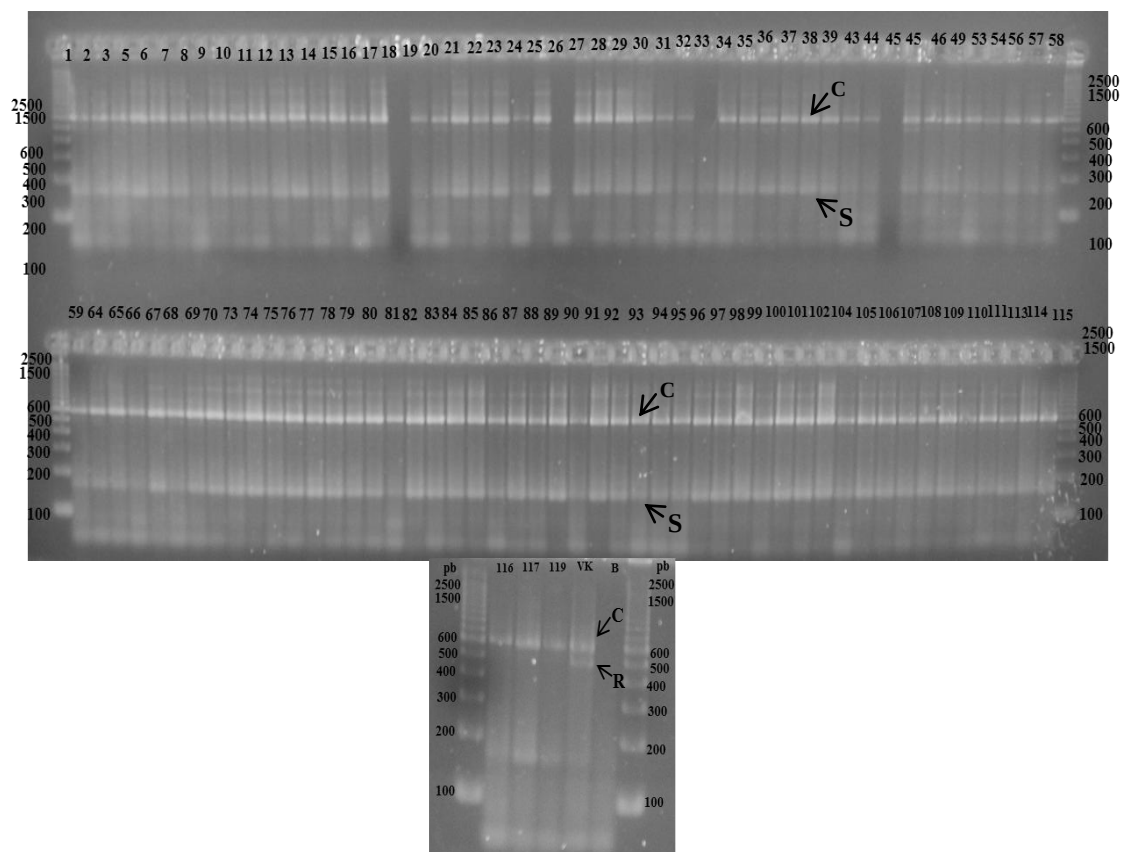


FIGURA 6. Patrón de bandeo de los iniciadores Ve1_2072F, Ve1_2651R, SNP2199Ft, SNP2199Ra, SNP2199F1a y SNP2199R1a para la identificación del gen de resistencia *Ve-1* a *V. dahliae* en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco.

6.6 Búsqueda del gen *Ve-2* de resistencia a *Verticillium dahliae*

En relación al gen *Ve-2*, se puede observar que todas las accesiones nativas presentaron dos fragmentos de 321 pb (Control) y 131 pb (Susceptible). Por lo tanto ningún material nativo estudiado tiene el gen de resistencia *Ve-2*. Sin embargo, al menos tres accesiones (3, 43 y 54) no presentaron el gen de susceptibilidad, únicamente presentaron un fragmento polimórfico de 321 pb. Dichos resultados indican que estos materiales también podrían ser utilizados como material para la creación de líneas homocigóticas. Por otro lado se puede observar que la accesión 45, presentó tres fragmentos polimórficos, uno de 321 pb (control), otro de 242 pb (resistencia) y otro de 131 pb (susceptible) según la prueba SNP2827.

En conclusión a los resultados obtenidos y debido a la naturaleza codominante del iniciador SNP2827 se puede inferir que la accesión 45 posee un genotipo heterocigoto resistente (*Ve-2/ve-2*) dado que presento tres fragmentos y la variedad Kenton un genotipo homocigoto resistente para el gen (*Ve-2/Ve-2*) dado que presento dos bandas polimórficas para el gen *Ve-2* de resistencia a *V. dahliae*, dichos resultados pueden ser comparados a lo obtenido por Kawchuk *et al.*, (2001) y Arens *et al.*, (2010) quienes reportaron dos genotipos homocigotos para el gen *Ve-2*. (Figura 7)

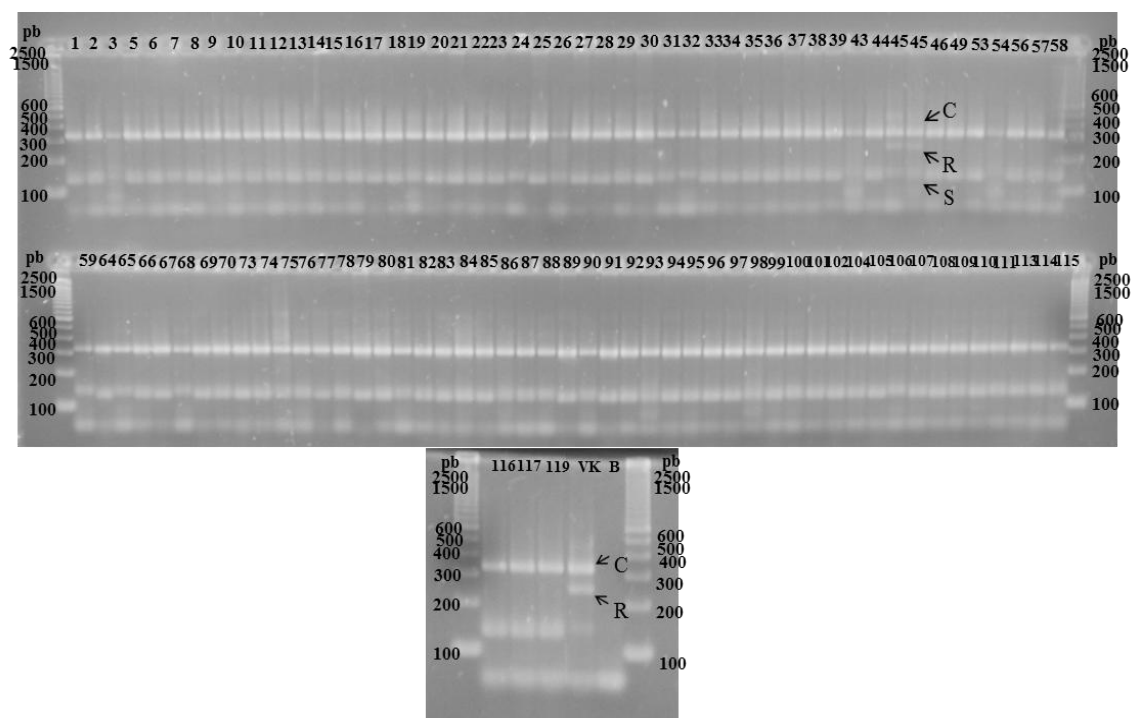


FIGURA 7. Patrón de bandeo de los iniciadores Ve2_2720F, Ve2_3040R, SNP2827F y SNP2827R para la identificación del gen de resistencia *Ve-2* a *V. dahliae* en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, S=Susceptibilidad, Vk=Variedad “Kenton” y B=Blanco.

6.7 Búsqueda del gen de resistencia a *Fusarium oxysporum* Razas 0 y I

Todos los genotipos presentaron un fragmento polimórfico de 92 pb (Control) producto de la amplificación del iniciador Lat1-F y Lat-2R. Se pudo determinar que 13 accesiones nativas (13, 21, 23, 28, 29, 30, 45, 49, 82, 91, 96, 98 y 119) poseen el locus de resistencia el cual corresponde al fragmento de 130 pb, generado por la elongación de los iniciadores dominantes At2-F3 y At2-R3. Asimismo se pudo determinar la presencia del gen de resistencia en la variedad Kenton utilizada como control positivo. Dichos resultados coinciden con los reportados por Ori *et al.*, (1997); Scott *et al.*, (2004); Arens *et al.*, (2010)

y Panthee y Foolad (2012) quienes encontraron dos fragmentos del mismo peso molecular cuando utilizaron los iniciadores Lat y At2. (Figura 8)

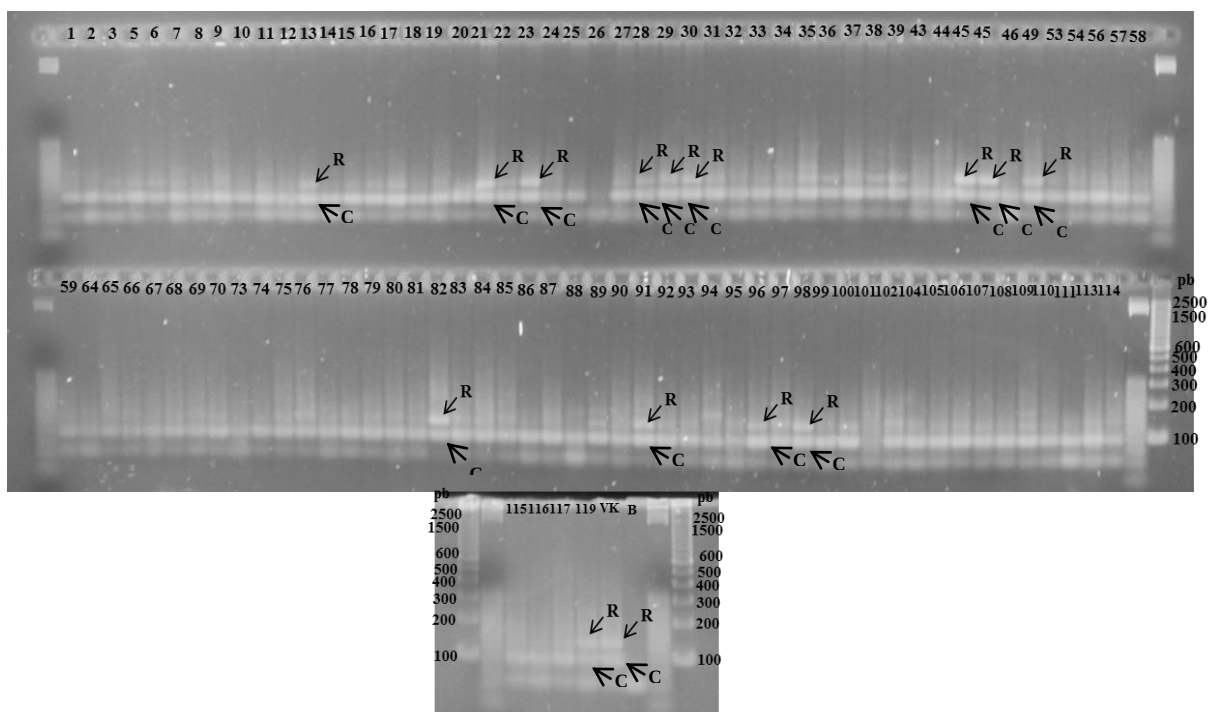


FIGURA 8. Patrón de bandeo de los iniciadores At2-R3, At2-F3, Lat 1-F y Lat2-R para la identificación del gen de resistencia a *F. oxysporum* raza 0 y I en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, Vk= Variedad “Kenton” y B=Blanco.

La razón por la que no se encontraron genes de resistencia a *Meloidogyne incognita*, Virus del mosaico del tomate y *Verticillium dahliae* en los materiales nativos, puede ser explicada en términos ambientales y genéticos.

Así, en términos ambientales es evidente que la adaptación de plantas nativas ocurre bajo condiciones naturales o bien toleradas, bajo la ausencia de altas frecuencias de poblaciones de patógenos, en comparación con lo ocurrido en un sistema intensivo con monocultivo. Es así, que la frecuencia de genes de resistencia en las colectas puede ser escasa, por lo que fue difícil la identificación de estas. Los genes de resistencia serán más frecuentes en aquellas poblaciones que por un lado presentan mayor variación genética, pero también se desarrollan ante factores ambientales adversos.

Lo anterior contrasta fuertemente con los sistemas de producción agrícola intensiva, en donde el empleo de un solo genotipo, implica una fuerte presión de patógenos, los cuales

deben ser controlados con pesticidas para mantener los niveles de poblaciones bajos o ausentes, que permitan una alta producción comercial.

En términos genéticos, el acervo de genes y la variación genética desempeñan un papel muy importante en la selección de plantas resistentes, en este estudio se discuten tres factores: 1) El acervo de genotipos resistentes están en baja frecuencia, por lo tanto este hecho dificulta su identificación y la selección. 2) El problema fitopatogénico no es importante en el ambiente donde se realizó la colecta, por lo tanto al no haber una presión de selección no se favoreció la frecuencia de genes de resistencia. 3) El tamaño de la muestra o número de plantas (8) caracterizadas molecularmente podría ser pequeña, esto implica que algunas de las accesiones que no presentaron el gen de resistencia pudieran presentarlo si se incrementara el número de plantas por análisis.

Por otro lado, el haber encontrado resistencia genética a *Fusarium oxysporum* razas 0 y 1, mediante de los iniciadores At2-F3, At2-R3, Lat1-F y Lat-2R, tiene implicaciones para el mejoramiento genético, ya que permitirán mayor oportunidad de lograr la adecuación de la planta a un ambiente específico.

Es necesario considerar que la aparición de ciertos genes de resistencia en algunas poblaciones nativas de jitomate indica que existe una asociación directa entre el gen de resistencia y la presencia del fitopatógeno; es decir, los lugares reportados con mayor incidencia de patógenos seguramente son un reservorio de poblaciones ricas en genes de resistencia.

En adición a lo anterior y al planteamiento de posibles factores del porque se encontraron resistencias a *Fusarium* que han obligado a desarrollar mecanismos de defensa en las poblaciones evaluadas, se puede decir que: 1) Existe plasticidad ambiental, pues generalmente las cepas de *Fusarium* se encuentran distribuidas en diversos ambientes y en ocasiones no necesariamente son un problema agrícola. 2) Existe versatilidad patogénica, por su alto índice de infestación agrícola interpoblacional.

Asimismo, este trabajo aporta las evidencias claras y la exitosa búsqueda de genes en poblaciones nativas, ya que de las 101 al menos 13 accesiones nativas poseen el locus de

130 pb ligado al gen de resistencia a *Fusarium oxysporum* Razas 0 y 1 (Ori *et al.*, 1997; Sela-Buurlage *et al.*, 2001; Scott *et al.*, 2004; Arens *et al.*, 2010).

6.8 Búsqueda del gen de resistencia a *Fusarium oxysporum* Razas 1 y I2.

Todos los genotipos presentaron una banda de 1380 pb, dicho fragmento corresponde al iniciador externo. No se obtuvo ningún polimorfismo de resistencia en los genotipos evaluados a excepción del híbrido Capito, que presentó polimorfismos en dos fragmentos 1380 pb (control), y 940 pb el tamaño de este último fragmento según Simmons *et al.*, (1998) se trata de un locus ligado al gen de resistencia a *F. oxysporum* razas 1 y I2. Por otro lado, debido a la naturaleza dominante del marcador no se determinó si este genotipo es homocigoto o heterocigoto para dicho gen de resistencia. (Figura 9)

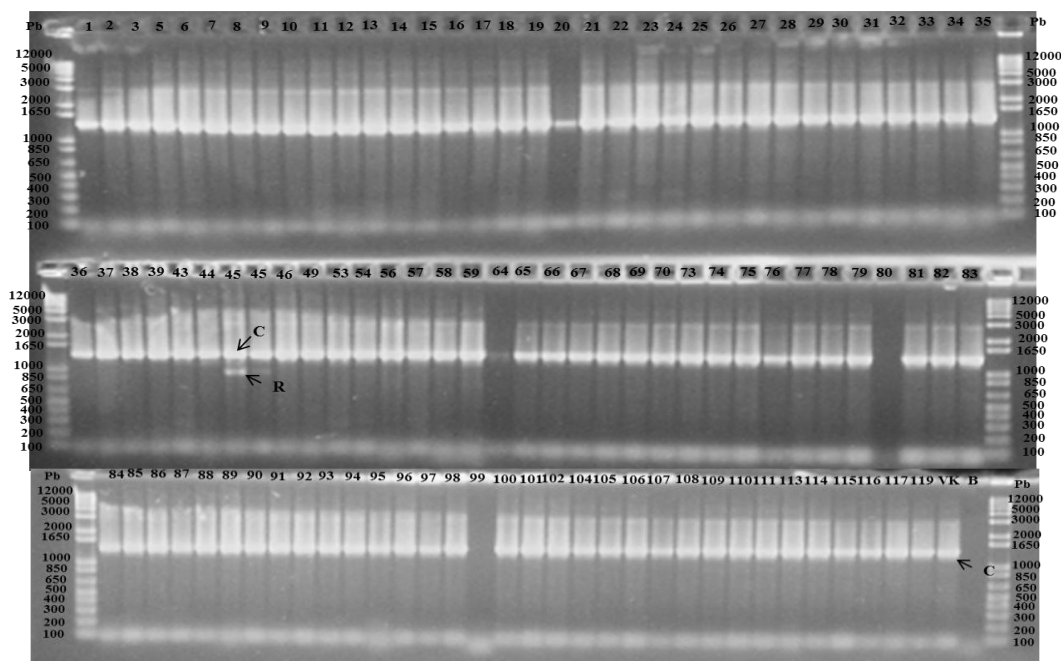


FIGURA 9. Patrón de bandeo de los iniciadores Z1063F, Z1063R, Rub-F y Rub-R para la identificación del gen de resistencia a *F. oxysporum* razas 1 y I2 en 101 accesiones de jitomate nativo. R=Resistencia, C=Control externo del iniciador, VK=Variedad “Kenton” y B=Blanco.

VII. CONCLUSIÓN

Los marcadores moleculares lograron la identificación de genes de resistencia y susceptibilidad. Mediante marcadores codominantes se facilitó la identificación de genotipos heterocigotos. Se determinó que dentro de las 101 accesiones nativas no existen genes de resistencias a *Meloidogyne incognita*, Virus del mosaico del tomate y *Verticillium dahliae*. Se identificaron 13 accesiones nativas resistentes a *Fusarium oxysporum* razas 0 y 1 por medio de los iniciadores At2-R3, At2-F3, Lat 1-F y Lat 2-R. Estas accesiones podrían ser incorporadas con éxito a un programa de mejoramiento genético de jitomate tan pronto se verifiquen los resultados en campo.

VIII. BIBLIOGRAFÍA

AGRIOS, G. N. 2004. Plant pathology. Fifth edition. Elsevier, New York.

ÁLVAREZ–HERNÁNDEZ, J.C.; CORTEZ-MADRIGAL, H.; GARCÍA-RUÍZ, I. 2009. Exploración y caracterización de poblaciones silvestres de jitomate (*Solanaceae*) en tres regiones de Michoacán, México. *Polibotánica* 28: 139-159.

AMMIRAJU, J.; VEREMIS, J.; HUANG, X.; ROBERTS, P.; KALOVSHIAN, I. 2003. The heat-stable root-knot nematode resistance gene *Mi-9* from *Lycopersicon peruvianum* is localized on the short arm of chromosome 6. *Theor Appl Genet*, 106: 478–484.

ARENS, P.; MANSILLA, C.; DEINUM, D.; CAVELLINI, L.; MORETTI, A.; ROLLAND, S.; VAN DER-SCHOOT, H.; CALVACHE, D.; PONZ, F.; COLLONNIER, C.; MATHIS, R.; SMILDE, D.; CARANTA, C.; VOSMAN, B. 2010. Development and evaluation of robust molecular markers linked to disease resistance in tomato for distinctness, uniformity and stability testing. *Theor Appl Genet* 120: 655–664

CAP, G. B.; ROBERTS, P. A.; THOMASON, I. J. 1993. Inheritance of heat-stable resistance to *Meloidogyne incognita* in *L. peruvianum* and its relationship to the *Mi* gene. *Theor Appl Genet* 85 777–783.

CASTRO, A. A. E.; ZAVALA-MEJIA, E.; CID DEL PRADO, I.; ZAMUDIO, G. V. 1990. Rotación e incorporación de *Tagetes erecta* L. para el manejo de *Meloidogyne incognita* (Kofoid y White) en el cultivo de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill) en Tecamachalco Puebla. *Revista Mexicana de Fitopatología* 8:173-180.

CARRILLO, F. J. A.; GARCÍA, E. R. S.; ALLENDE, M. R.; MARQUEZ, Z. I.; CRUZ, O. J. E. 2000. Identificación y distribución de especies del nemátodo nodulador (*Meloidogyne spp.*) en Hortalizas, en Sinaloa, México. *Revista Mexicana de Fitopatología*. 0185-3309. 115-119 pp.

CID DEL PRADO, I.; HERNÁNDEZ, J.; ESPÍNOZA, T. V.; TOVAR, S. A.; TORRES, C. R. 1998. Distribución geográfica y frecuencia de especies de *Meloidogyne* en la República Mexicana. En avances en la investigación Instituto de Fitosanidad Colegio de Postgraduados Montecillo, Estado de México, 114-115 pp.

DE JONGE, R.; VAN ESSE, H. P.; MARUTHACHALAMB, K.; BOLTON, M. D.; SANTHANAM, P.; SABER, M. K.; ZHANG, Z.; USAMI, T.; LIEVENSE, B.; SUBBARAO, K. V.; BART, P. H. J. 2012. Tomato immune receptor Ve1 recognizes effector of multiple fungal pathogens uncovered by genome and RNA sequencing. *Plant biology* 5110–5115

FAOSTAT. 2011. Base de datos estadísticos de la FAO. <http://www.Faostat.org.mx>

FOOLAD, M. R. 2003. Genetics of drought tolerance during seed germination in tomato: inheritance and QTL mapping, *Genome*, 46: 536–545.

FOOLAD, M. R.; ZHANG, L. P.; SUBBIAH, P. 2004. Recent advances in genetics of salt tolerance in tomato. *Plant Cell Tiss. Org.*, 76: 101–119.

FOOLAD, M. 2007. Genome mapping and molecular breeding of tomato. *Int J Plant Genomics* 2007:52. doi:10.1155/2007/64358

GODOY, A. T. P.; YAÑEZ, M. J. 1999. El nematodo agallador. En memorias del curso de fitopatógenos del suelo en hortalizas. Universidad Autónoma de Sinaloa 19-22 pp.

GUZMAN-PLAZOLA, R. A.; JARABA, J. N.; E. CASWELL-CHEN, E.; ZAVALA-MEJÍA E.; CID DEL PRADO, I. V. 2006. Spatial distribution of *Meloidogyne* species and races in the tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) producing region of Morelos, Mexico. *Nematropica* 36:215-229.

HOYT, E. 1992. Conservando los parientes silvestres de las plantas cultivadas. Traducido al español por Forrero, Editorial Addison-Wesley Iberoamericana. Delaware, Estados Unidos de América. 52 p.

JABLONSKA, B.; AMMIRAJU, J.; BHATTARAI, K.; MANTELIN, S.; DE LLARDUYA, O.; ROBERTS, P.; KALOSHIAN, I. 2007. The *Mi-9* Gene from *Solanum Arcanum* Conferring Heat-Stable Resistance to Root-Knot Nematodes Is a Homolog of *Mi-1*. *Plant Physiology* Vol. 143: 1044–1054.

JINSIN, Y. 1999. Evaluation of cherry tomato inbred lined for multiple disease resistance. China training, Report. pp 1-4

KALOSHIAN, I.; YAGHOobi, J.; LIHARSKA, T.; HONTELEZ, J.; HANSON, D.; HOGAN, P.; JESSE, T.; WIJBRANDI, J.; SIMONS, G.; VOS, P. 1998. Genetic and physical localization of the root-knot nematode resistance locus *Mi* in tomato. *Mol Gen Genet* 257: 376–385.

KAWCHUK, L. M.; HACHEY, J.; LYNCH, D. R.; KULCSAR, F.; VAN, ROOJEN G.; WATERER, D. R.; ROBERTSON, A.; KOKKO, E.; BYERS, R.; HOWARD, R. J.; FISCHER, R.; PRÜFER, D. 2001. Tomato *Ve* disease resistance genes encode cell surface-like receptors. *PNAS* 98:6511–6515

LANFERMEIJER, F.C.; DIJKHUIS, J.; STURRE, M. J. G.; DE HAAN, P.; HILLE, J. 2003. Cloning and characterization of the durable tomato mosaic virus resistance gene *Tm-2²* from *Lycopersicon esculentum*. *Plant Mol Biol* 52:1037–1049

LANFERMEIJER, F.C.; WARMINK, J.; HILLE, J. 2005. The products of the broken *Tm-2* and the durable *Tm-2²* resistance genes from tomato differ in four amino acids. *J Exp Bot* 56:2925–2933

LINDHOUT, P. 2005. Genetics and breeding. In: Tomatoes. Heuvelink E. (Ed.). CAB International. USA. Pp 21-52.

MEDINA-FILHO, H.; STEVENS, M. 1980. Tomato breeding for nematode resistance: survey of resistant varieties for horticultural characteristics and genotype of acid phosphatase. *Acta Hort* 100:383–391

MEHRACH, E. K.; MEJÍA, L.; GHARSALLAH-COUCHANE, S.; SALUS, M. S.; MARTIN, C. T.; HATIMI, A.; VIDAUSKI, F.; WILLIAMSON, V.; MAXWELL, D. P. 2005. PCR-based methods for tagging the *Mi-1* locus for resistance to root-knot nematode in begomovirus-resistant tomato germoplasm. *Acta Hort* 695:263–270

MÍLLIGAN, S.; BODEAU, J.; YAGHOobi, J.; KALOSHIAN, I.; ZABEL, P.; WILLIAMSON, V. 1998. The root knot nematode resistance gene *Mi* from tomato is a member of the leucine zipper, nucleotide binding, leucine-rich repeat family of plant genes. *The Plant Cell* 10: 1307-1319.

MONTES, B. R. 1988. *Nematología Vegetal en México*. Sociedad Mexicana de Fitopatología

MORELL, M. K.; PEAKALL, R.; APPELS, R.; PRESTON, L. R.; LLOYD, H. L. 1995. DNA profiling techniques for plant variety identification. *Aust. J. Exp. Agric.* 35:807-819.

OHMORI, T.; MURATA, M.; MOTOYOSHI, F. 1996. Molecular characterization of RAPD and SCAR markers linked to the *Tm-1* locus in tomato. *Theor Appl Genet* 92:151–156

ORI, N.; ESHED, Y.; PARAN, I.; PRESTING, G.; AVIV, D.; TANKSLEY, S.; ZAMIR, D.; FLUHR, R. 1997. The *I2C* family from the wilt disease resistance locus *I2* belongs to the nucleotide binding, leucine rich repeat super family of plant resistance genes. *Plant Cell* 9(4):521–532

PAGLIANO, J. 2002. *Biotecnología y Mejoramiento Vegetal*. V. Echenique, C. Rubinstein, L. Mrogisnki. El papel de las nuevas biotecnologías en la producción agropecuaria (pp. 21-23). Argentina: INTA.

PANTHEE, D. R.; FOOLAD, M. R. 2012. A reexamination of molecular markers for use in marker-assisted breeding in tomato. *Euphytica* 184:165–179

PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M. 2005. “Clasificación de wild tomatoes: a review”. *Kurtziana*, 28(1): 45-54.

RESENDE, J. T. V.; MALUF, W. R.; CARDOSO, M. G.; NELSON, D. L.; FARIA, M. V. 2002. Inheritance of acylsugar contents in tomatoes derived from an interspecific cross with the wild tomato *Lycopersicon pennellii* and their effect on spider mite repellence. *Genet Mol Res* 1(2):106–116

RICK, C. M.; HOLLE, M. 1990. Andean *Lycopersicon esculentum* var. *cerasiforme*: genetic variation and its evolutionary significance. *Econ. Bot.* 44 (3 Suppl.): 69-78.

ROUCHKA, E. C.; CHA, I. E. 2009. Current Trends in Pseudogene Detection and Characterization. *Current Bioinformatics* 4, 112-119

- SCHAIBLE, L.; CANNON, O. S.; WADDOUPS, V.** 1951 inheritance of resistance to *Verticillium* wilt in a tomato cross. *Phytopathology* 41:986– 990
- SCOTT, J. W.; AGRAMA, H. A.; JONES, J. P.** 2004. RFLP-based analysis of recombination among resistance genes to *Fusarium* wilt races 1, 2 and 3 in tomato. *J Am Soc Hortic Sci* 129(3):394–400
- SELA-BUURLAGE, M. B.; BUDAI-HADRIAN, O.; PAN, Q.; CARMEL-GOREN, L.; VUNSCH, R.; ZAMIR, D.; FLUHR, R.** 2001. Genome-wide dissection of *Fusarium* resistance in tomato reveals multiple complex loci. *Mol Genet Genomics* 265:1104–1111
- SIMONS, G.; GROENENDIJK, J.; WIJBRANDI, J.; REIJANS, M.; GROENEN, J.; DIERGAARDE, P.; VANDER-LEE, T.; BLEEKER, M.; ONSTENK, J.; DE-BOTH, M.; HARING, M.; MES, J.; CORNELISSEN, B.; ZABEAU, M.; VOS, P.** 1998. Dissection of the *Fusarium* I2 gene cluster in tomato reveals six homologs and one active gene copy. *Plant Cell* 10:1055–1068
- TANKSLEY, S. D.** 1983. Molecular markers in plant breeding. *Plant Mol Biol Rep* 1:3–8
- WARNOCK, S. J.** 1988. A review of taxonomy and phylogeny of the genus *Lycopersicon*. *HortScience* 23:669-673.
- WAUGH, R.; POWELL, W.** 1992. Using RAPD markers for crop improvement. *Trends in Biotech.* 10: 186-191.
- WILIAMSON, V.; HO, J.; WU, F.; MILLER, N.; KALOSHIAN, I.** 1994. A PCR based marker tightly linked to the nematode resistance gene Mi in tomato. *Theor. Appl. Genet.* 87: 757-763.
- YAGHOobi, J.; KALOSHIAN, I.; WEN, Y.; WILLIAMSON, V.** 1995. Mapping a new nematode resistance locus in *Lycopersicon peruvianum*. *Theor Appl Genet* 91: 457–464.
- YE, S.; DHILLON, S.; KE, X.; COLLINS, A. R.; DAY, I. N.** 2001. An efficient procedure for genotyping single-nucleotide polymorphisms. *Nucleic Acids Res* 29:e88–8