



Universidad Autónoma Chapingo

Enseñar la Explotación de la Tierra, no la del Hombre

Departamento de Fitotecnia
Posgrado en Biotecnología Agrícola

**CARACTERIZACIÓN DE PROGENITORES
POTENCIALES DE HÍBRIDOS DE JITOMATE
(*Lycopersicon esculentum* Mill.) UTILIZANDO
MARCADORES RAPDs**

TESIS

QUE COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA**

PRESENTA:

LÓPEZ DÍAZ ISMAEL



DIRECCIÓN GENERAL ACADÉMICA
DEPTO. DE SERVICIOS ESCOLARES
OFICINA DE EXAMENES PROFESIONALES

Chapingo, Texcoco Edo. México Diciembre de 2010



**CARACTERIZACIÓN DE PROGENITORES
POTENCIALES DE HÍBRIDOS DE JITOMATE
(*Lycopersicon esculentum* Mill.) UTILIZANDO
MARCADORES RAPDs**

Tesis realizada por López Díaz Ismael bajo la supervisión del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

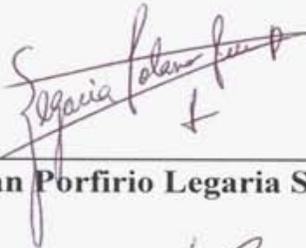
**MAESTRO EN CIENCIAS EN
BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA**

DIRECTOR



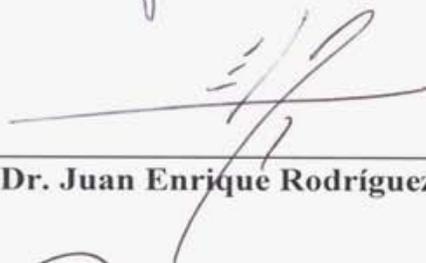
Dra. Margarita Gisela Peña Ortega

ASESOR



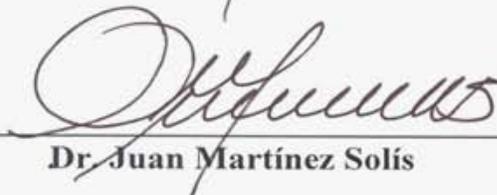
Dr. Juan Porfirio Legaria Solano

ASESOR



Dr. Juan Enrique Rodríguez Pérez

ASESOR



Dr. Juan Martínez Solís

DATOS BIOGRÁFICOS

López Díaz Ismael, es originario de Cuautitlán México, Edo. De México, realizó sus estudios de licenciatura en la Facultad de Estudios Superiores Cuautitlán de la Universidad Nacional Autónoma de México y obtuvo el título de Ingeniero Agrícola con orientación en Agroecosistemas. En la Universidad Autónoma Chapingo realizó sus estudios de Maestría en Ciencias en Biotecnología Agrícola.

Actualmente realiza actividades de diversa índole.

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Autónoma Chapingo por la oportunidad de ingresar al posgrado y el apoyo económico brindado durante mi estancia.

Al comité asesor a la Dra. Margarita Gisela Peña Ortega, al Dr. Juan Porfirio Legaria Solano, al Dr. Juan Enrique Rodríguez Pérez y al Dr. Juan Martínez Solís, por su disposición para la realización del presente trabajo.

A los técnicos del laboratorio de Biotecnología Agrícola, Ricardo y Maritza.

A los Maestros de la Planta Académica del Programa en Biotecnología Agrícola.

A mis compañeros de maestría y posgrado de fitotecnia, además a todos aquellos que me ayudaron durante mi formación.

A mis maestros de Natación Martín y Luís.

A mis compañeros de natación y atletismo así como a todas aquellas personas que conocí en Chapingo.

A mi exasesor de licenciatura M.C. Oscar Horacio Guillen Ayala.

¡ GRACIAS ¡

DEDICATORIA

A mi País: MÉXICO

A toda mi familia en especial a mi mamá y mis hermanos.

A mis amigos de siempre.

A Isabel Guerrero Godínez

***¡ EL DEPORTE Y LA CIENCIA NO DEBEN ESTAR SEPARADOS,
MIENTRAS NO SE INVIERTA EN EDUCACIÓN Y EN ACTIVIDAD
DEPORTIVA JAMÁS SALDREMOS DEL ATRASO ¡***

López Díaz Ismael

RESUMEN

CARACTERIZACIÓN DE PROGENITORES POTENCIALES DE HÍBRIDOS DE JITOMATE (*Lycopersicon esculentum* Mill.) UTILIZANDO MARCADORES RAPDs

López Díaz Ismael. Maestría en Ciencias en Biotecnología Agrícola. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. (Bajo la dirección de la Dra. Margarita Gisela Peña Ortega).

En el presente trabajo se evaluaron 87 materiales comerciales de jitomate para estimar la diversidad genética entre y dentro de los mismos y obtener las huellas genéticas correspondientes, mediante marcadores moleculares tipo RAPDs (Polimorfismos de ADN Amplificados al Azar). El cultivo del jitomate es una especie autógena que ha sido sometida a un intenso proceso de mejoramiento genético, por lo que estudios previos realizados con isoenzimas, RFLPs y RAPDs han mostrado una reducida variabilidad genética, lo cual se refleja en niveles bajos de polimorfismo. Los resultados obtenidos en el presente estudio siguieron esta misma tendencia, ya que de los 50 iniciadores de secuencia aleatoria evaluados, únicamente 22 de ellos produjeron bandas amplificadas registrables. De las 158 bandas amplificadas, sólo 82 permitieron encontrar diferencias en al menos una variedad, lo que representa una eficiencia del 51.9 % en la detección de polimorfismos. Para efectos de análisis de patrones RAPDs sólo se seleccionaron las 48 bandas que reunieron el criterio de Lynch y Milligan (1994). En general la diversidad genética intrapoblacional presentó valores muy bajos para los cuatro grupos de materiales evaluados, sugiriendo un alto grado de homocigosis dentro de poblaciones. No obstante las distancias genéticas de Nei (1978) estimadas entre poblaciones permitieron identificar pares de progenitores que se espera potencialmente produzcan descendencia con un buen comportamiento heterótico dentro de un programa de mejoramiento para este cultivo.

Palabras clave: diversidad genética, marcadores moleculares, RAPDs, *Lycopersicon esculentum* Mill., Heterosis.

ABSTRACT

IDENTIFICATION OF POTENTIAL PROGENITORS OF TOMATO (*Lycopersicon esculentum* Mill.) HYBRIDS USING RAPDs

López Díaz Ismael Master of Science in Agricultural Biotechnology. Crop Science Department. Autonomous University Chapingo. (Supervisor: Margarita Gisela Peña Ortega, Ph. D.).

In this study, 87 commercial tomato materials were fingerprinted using RAPDs (Randomly Amplified Polymorphic DNA), in order to estimate genetic diversity within and among groups. Tomato, an autogamous species, has been subjected to intense genetic improvement; therefore, previous studies using isoenzymes, RFLPs and RAPDs found limited genetic variability among tested genotypes, reflected in low levels of polymorphism. Results obtained in this study followed the same trend; of 50 random sequence initiators tested, only 22 produced recordable amplified bands. Out of 158 amplified bands, only 82 allowed detecting differences in at least one variety, representing a 51.9 % efficiency rate in polymorphism detection. For analyzing RAPD patterns, only 48 bands that met the criteria of Lynch and Milligan (1994) were selected. In general terms, low intrapopulation genetic variation values were found for the four evaluated groups, suggesting a high degree of homozygosity within populations. However, Nei's distances estimated between all possible pairs allowed the identification of potential hybrid progenitors which are expected to produce highly heterotic progeny in a genetic improvement program for this crop.

Key words: genetic diversity, molecular markers, RAPDs, *Lycopersicon esculentum* Mill., Heterosis.

INDICE

| | Página |
|--|--------|
| RESUMEN | vi |
| ABSTRACT..... | vi |
| INDICE..... | vii |
| INDICE DE CUADROS..... | ix |
| INDICE DE FIGURAS..... | x |
| I. INTRODUCCIÓN..... | 1 |
| II. OBJETIVOS..... | 3 |
| III. HÍPOTESIS..... | 3 |
| IV. REVISION DE LITERATURA..... | 4 |
| 4.1. Origen..... | 4 |
| 4.2. Importancia..... | 4 |
| 4.3. Mejoramiento genético..... | 5 |
| 4.4. Caracterización morfológica y agronómica..... | 6 |
| 4.5. Marcadores moleculares..... | 8 |
| 4.5.1. RAPDs..... | 9 |
| 4.5.2. AFLPs..... | 12 |
| 4.5.3. Otros marcadores (SNPs, dCAPs) | 13 |
| V. MATERIALES Y MÉTODOS..... | 14 |
| 5.1. Localización del experimento..... | 14 |
| 5.2. Material experimental..... | 14 |
| 5.3. Extracción de ADN..... | 17 |

| Continuación de ÍNDICE | Página |
|--|--------|
| 5.3.1. Evaluación de la calidad y cantidad de ADN..... | 18 |
| 5.3.2. Amplificación del ADN..... | 19 |
| 5.4. Análisis estadístico..... | 22 |
| VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN..... | 25 |
| 6.1. Análisis de los patrones de marcadores RAPDs..... | 25 |
| 6.2. Análisis de poblaciones para los grupos estudiados..... | 33 |
| VII. CONCLUSIONES..... | 38 |
| VIII. LITERATURA CITADA..... | 39 |

ÍNDICE DE CUADROS

| | Página |
|---|--------|
| CUADRO 1 Características de los materiales evaluados..... | 15 |
| CUADRO 2 Componentes de la mezcla de la Reacción en Cadena de la Taq ADN polimerasa (PCR), para la obtención de patrones RAPDs..... | 20 |
| CUADRO 3 Condiciones de temperatura de los ciclos de amplificación de la PCR (Reacción en Cadena de la Taq Polimerasa), para la obtención de patrones RAPD..... | 21 |
| CUADRO 4 Secuencia de los iniciadores evaluados, producción de bandas totales y polimórficas..... | 26 |
| CUADRO 5 Matriz de identidad genética de Nei entre materiales tipo saladete indeterminado..... | 30 |
| CUADRO 6 Matriz de identidad genética de Nei entre materiales tipo saladete determinado..... | 31 |
| CUADRO 7 Progenitores potenciales de híbridos de jitomate, de acuerdo a la distancia genética de Nei (1978) estimada a partir de marcadores tipo RAPDs..... | 33 |
| CUADRO 8 Diversidad genética dentro y entre grupos de jitomate con distinto tipo de fruto y hábito de crecimiento..... | 34 |
| CUADRO 9 Matriz de identidad genética de Nei entre materiales tipo bola indeterminado..... | 36 |
| CUADRO 10 Matriz de identidad genética de Nei entre materiales tipo bola determinado..... | 37 |

ÍNDICE DE FIGURAS

| | Página |
|--|--------|
| Figura 1 Prueba de iniciadores de la serie A de Operon (Operon Technologies ® Inc., Alameda, E. U.) en muestras aleatorias de jitomate. OPA02 (1), OPA04 (2), OPA05 (3), OPA07 (4), OPA08 (5), OPD02 (6), OPD03 (7), OPD04 (8), OPD05 (9), OPD07 (10), M = marcador de peso molecular..... | 20 |
| Figura 2 Dendrograma de relaciones entre materiales tipo bola indeterminado generado mediante 1000 remuestreos y utilizando la distancia genética de Nei (1978) | 28 |
| Figura 3 Dendrograma de relaciones entre individuos de tipo saladete indeterminado generado mediante 1000 remuestreos y utilizando la distancia genética de Nei (1978) | 29 |
| Figura 4 Dendrograma de relaciones entre individuos de tipo saladete indeterminado generado mediante 1000 remuestreos y utilizando la distancia genética de Nei (1978) | 30 |
| Figura 5 Dendrograma de relaciones entre individuos de tipo bola determinado generado mediante 1000 remuestreos y utilizando la distancia genética de Nei (1978) | 32 |

I. INTRODUCCIÓN

El jitomate es una de las hortalizas principales a nivel mundial, tanto por su consumo como por su nivel de producción, contribuyendo de forma importante a la producción mundial. En los últimos diez años, la superficie del cultivo se ha incrementado; en cuanto a producción, doce países destacan en la superficie destinada a esta hortaliza, siendo los principales productores en América: Canadá, Estados Unidos, Brasil y México. En nuestro país se produjeron en el año 2009, dos millones de toneladas con un rendimiento de 40 toneladas por hectárea (SIAP, 2010).

El incremento paulatino en producción y consumo se ha debido en parte a la creación de nuevas variedades que presentan mayor tiempo de conservación, mayor adaptabilidad a ciclos del cultivo, diferentes formas, tamaños y colores, innovando de esta forma un mercado exigente, que demanda un producto con buenas propiedades organolépticas, presentación excelente y precio adecuado.

En México, el jitomate tiene un alto consumo, genera divisas, es fuente importante de empleo, produce una considerable derrama económica por utilizar gran cantidad de insumos agrícolas y propiciar la participación de diversos agentes en el proceso de mercadeo e industrialización del producto.

En la actualidad los nuevos cultivares son obtenidos por un número muy reducido de grandes empresas que controlan la multiplicación y comercialización de la semilla. La

experiencia precedente indica que estas compañías han absorbido a las pequeñas empresas tradicionales y que a su vez, las genuinas empresas de semillas han pasado a ser dependientes en gran parte de otras de capital diversificado. Mediante los procedimientos de absorción y fusión se vislumbra una clara tendencia hacia el monopolio (Nuez, 2001). Puede decirse que 95 % de la producción mundial de semilla de jitomate está monopolizada por tres países: Estados Unidos, Francia y sobre todo Holanda. Por lo que uno de los principales costos de producción de esta hortaliza lo representa la compra de semilla, ya que se utilizan básicamente híbridos.

La semilla híbrida es producida por medio de cruzamientos controlados entre dos diferentes líneas puras obtenidas por autofecundaciones sucesivas. El proceso de hibridación en la mayoría de las veces se realiza manualmente, lo cual encarece su costo. Adicionalmente, el sembrar semilla híbrida transforma a los productores en clientes cautivos de las empresas semilleras transnacionales, pues si desean mantener los niveles de rendimiento y características de producción tienen que comprar la semilla comercial año con año.

Por esta razón es conveniente iniciar programas nacionales de mejoramiento e investigación en la producción de semilla de jitomate, con el objetivo de crear variedades que respondan a las condiciones productivas y de calidad de nuestro país, abaratando el costo de la semilla mejorada y permitiendo a los productores producir su propia semilla.

II. OBJETIVOS

- Caracterizar híbridos y variedades comerciales de jitomate utilizando marcadores moleculares de ADN tipo RAPD's.
- Identificar materiales genéticamente divergentes como posibles progenitores que puedan originar descendencia con alto grado de heterosis.

III. HIPÓTESIS

La caracterización de híbridos y variedades de jitomate mediante marcadores moleculares (RAPD's) permitirá la identificación de materiales con bajo grado de parentesco entre sí, con potencial para conformar poblaciones base para un programa de mejoramiento genético de este cultivo.

IV. REVISIÓN DE LITERATURA

4.1. Origen

El jitomate es originario de la región andina (Chile, Colombia, Ecuador, Bolivia y Perú), por lo que en esta zona se presenta la mayor variabilidad genética, con abundancia de tipos silvestres. A México se le ha considerado como el centro más importante de domesticación del jitomate y este cultivo sigue siendo un producto esencial en la alimentación (Namesny, 2004).

4.2. Importancia

A nivel mundial las hortalizas junto con las frutas ocupan el segundo lugar dentro de los productos agropecuarios, superadas sólo por los cereales.

De la gran diversidad de hortalizas que se explotan en el país, el jitomate (*Lycopersicon esculentum* Mill), es sin duda una de las más importantes, tanto en superficie cultivada, como por su valor comercial; donde 10 % se produce bajo sistemas intensivos con utilización de una o más combinaciones de tecnologías modernas, necesarias para una alta productividad y calidad (Radillo y Rolón, 2003).

Además, por ser un cultivo con amplia adaptabilidad, se le encuentra tanto en climas templados como tropicales de casi toda la República Mexicana (González, 1991). En nuestro país el jitomate se ubica entre las primeras cuatro hortalizas, ya que sus exportaciones representan un alto nivel de captación de divisas, utiliza una elevada cantidad

de mano de obra y representa una alta tasa de actividad económica por el monto de los gastos de producción involucrados (González, 1991). Por lo que la introducción de variedades e híbridos mejorados, es una alternativa alentadora para incrementar la producción, el rendimiento y la calidad del producto (Radillo y Rolón, 2003).

A nivel nacional, el jitomate se cultiva en alrededor de 54,000 hectáreas, siendo los principales estados productores Sinaloa, Michoacán, Baja California Norte, Veracruz y Zacatecas. Aunque la producción de jitomate en los estados del sur es mayor que la de los estados fronterizos, éstos participan con 72 % de los 2.800 millones de dólares del mercado de exportación del jitomate y con 94 % de las importaciones, sin contar el comercio internacional de productos con valor agregado como la pasta de jitomate. Los principales mercados de jitomate son el estadounidense y el europeo.

En relación al mercado mundial de semillas de hortalizas calculado en 1.600 millones de dólares, la semilla de jitomate representa 50 %. Según la asociación internacional de productores de semillas FIS/ASSINSEL, el sector de la semilla de jitomate está dominado actualmente por seis compañías: Empresas La Moderna (EML), Limagrain, Novartis Seeds, Nunhems Group, Sakata y Takii. El costo por semilla es mayor a 50 centavos (Juárez et al., 2000).

4.3. Mejoramiento genético

Cuando se desea establecer un programa de mejoramiento genético de una especie particular, los tipos de progenitores a usar para integrar las poblaciones base pueden incluir fuentes particulares de genes enfocados a un objetivo particular, algunas poblaciones de amplia base genética como razas o criollos, también es posible incluir genotipos que han

estado sometidos a selección recurrente y que han presentado avances como sería el caso de las líneas avanzadas; finalmente otra alternativa es recurrir a genotipos que tienen un uso actual en el mercado como cruza simples, variedades, sintéticos u otros híbridos (Kannenber y Falk, 1995).

En este contexto, la biotecnología es una herramienta útil para la caracterización de la diversidad genética presente en un acervo de materiales disponibles para conformar poblaciones base para iniciar programas de mejoramiento. El uso de marcadores moleculares de ADN como los RAPDs (Polimorfismos de ADN Amplificado al Azar) permiten estimar distancias entre materiales genéticos, los cuales al cruzarse entre sí podrían producir combinaciones más productivas de genes de origen diferente.

4.4. Caracterización morfológica y agronómica

La introducción de variedades e híbridos mejorados en diversas regiones productoras de jitomate, es una alternativa alentadora para incrementar la producción, el rendimiento y la calidad del producto, por lo que se han realizado caracterizaciones morfológicas y agronómicas de diferentes materiales mejorados en diversas partes del país.

Un estudio realizado en Sinaloa por (Radillo y Rolón 2003) comparó cinco híbridos comerciales (Access, Centurión, Bishop, Dean y Yaqui) con el objetivo de evaluar su adaptación y comportamiento productivo de fruto. Los caracteres morfológicos evaluados fueron: altura final de planta, número de frutos totales cosechados y peso promedio de fruto. Encontraron que el híbrido Yaqui presentó la mayor altura de planta, seguido por Access, mientras que en el número de frutos totales cosechados, el híbrido Bishop fue el más sobresaliente. En cuanto al peso promedio del fruto, nuevamente Yaqui produjo los

frutos más pesados, por lo que concluyeron que este híbrido, desarrollado para esta región agrícola, resultó ser el que mejor adaptación, características vegetativas y productivas presentó en relación al resto de los híbridos, por lo que el ambiente de producción es un factor determinante para la adaptación y producción del jitomate.

Por su parte (Cheluca et al. 2003) evaluaron siete híbridos comerciales (Victoria Supreme, Río Colorado, Yaqui, Verónica, Súper Roma, Toro y Lobo), así como tres materiales experimentales (3AH, 6AH y SAH). Estos investigadores encontraron diferencias estadísticas entre genotipos en características fenológicas de desarrollo, rendimiento y calidad de fruto, excepto en número de frutos. En la altura de la planta, el mayor desarrollo en campo lo presentaron en orden decreciente: Verónica y Victoria Supreme; de manera comparativa el genotipo codificado 5AH mostró el menor porte con 86 cm. En componentes de rendimiento y calidad, destacaron los híbridos Victoria Supreme, Toro y Yaqui, debido a que produjeron los frutos de mayor diámetro, mientras que el híbrido Verónica produjo los frutos más alargados. Todos los genotipos tuvieron un ciclo de 145 días desde la siembra hasta el final de la cosecha. Los híbridos Yaqui y Toro mostraron los más altos rendimientos, por lo que generaron la mayor rentabilidad, mientras que el híbrido Súper Roma produjo las mayores pérdidas económicas bajo las condiciones de evaluación. Se ha postulado que algunos de los materiales comerciales que ofrecen las casas comerciales de semilla como “híbridos” no siempre son tales. Por lo que Martínez et al. (2004) evaluaron 40 híbridos comerciales perteneciente a los grupos saladete indeterminado (SI), saladete determinado (SD), bola determinado (BD), y bola indeterminado (BI), y sus respectivas F₂. Éstos fueron cultivados en experimentos separados en condiciones de hidroponía e invernadero, bajo un diseño de bloques completos al azar. Los resultados del ANOVA mostraron diferencias significativas entre genotipos sólo para los grupos BI y BD

en los tres caracteres evaluados: producción por planta, número de frutos por planta y peso promedio de fruto, con coeficientes de variación entre 28 y 31 %. Los contrastes ortogonales entre los híbridos comerciales y sus respectivas F_2 no fueron significativos en ningún grupo. Sin embargo, la reducción de la producción ocurrida en la segunda generación filial varió de acuerdo con los grupos de 0.6 a 22.8 % en SD, de 4.2 a 8.5 % en SI, de 0.9 a 45.7 % en BD, y de 1.7 a 34.3 % en BI.

4.5. Marcadores moleculares

El desarrollo de marcadores moleculares está ayudando a eliminar tanto los inconvenientes de una selección basada exclusivamente en el análisis del fenotipo, así como a la identificación de especies y variedades de una forma más rigurosa y repetible. Los marcadores moleculares son biomoléculas que se pueden relacionar con un rasgo genético. Las biomoléculas que pueden ser utilizadas como marcadores moleculares son las proteínas (antígenos e isoenzimas) y el ADN (a través de genes conocidos o fragmentos de secuencia y función desconocida). Un marcador molecular monomórfico es invariable en todos los organismos estudiados, pero cuando se presentan diferencias en el peso molecular, actividad enzimática, estructura, o sitios de restricción, se dice que es polimórfico.

Por lo que en términos más generales un marcador puede definirse como un carácter o un gen que debido al ligamiento que presenta con otro gen puede usarse para indicar la presencia de éste, es decir, cualquier característica A (sea un gen, una proteína, tipo de hoja, u otra) que esté asociada a la presencia o expresión de una característica B (como vigor,

altura, resistencia a enfermedades, u otra) puede considerarse como un marcador, pues la presencia de A necesariamente implica la de B.

4.5.1. RAPDs

Los RAPDs (*Random Amplified Polymorphic DNA* - ADN polimórfico amplificado al azar) son un ensayo de polimorfismo basado en la amplificación de segmentos de ADN al azar utilizando iniciadores de secuencia arbitraria. Los polimorfismos, detectados como segmentos de ADN que amplifican en un progenitor pero no en otro, son heredados de forma Mendeliana en 90 % de los casos, y pueden ser utilizados para construir mapas genéticos de gran variedad de especies.

Estos marcadores han sido utilizados con éxito para diferenciar especies cuando no se cuenta con información previa de secuencias. Sin embargo, una de sus desventajas es que requieren de la optimización del experimento, con objeto de conseguir reproducibilidad en los resultados de forma continuada.

Los RAPDs se han empleado en jitomate para tratar de establecer diferencias y similitudes genéticas entre las líneas progenitoras y su híbrido. Sánchez et al. (2003) utilizaron seis iniciadores aleatorios de la serie G de Operon Technologies ® Inc. para caracterizar a las líneas 13-NAR (de hábito indeterminado) y THE-309 (de hábito determinado) así como el híbrido resultante de la cruce entre ambas, obteniendo un total de 101 bandas de ADN. Las mejores huellas genómicas tanto de las líneas progenitoras como del híbrido se obtuvieron con los iniciadores OPG-07 y OPG-19. Estos resultados demuestran que los marcadores

RAPD pueden resultar útiles para apoyar en forma directa la identificación de líneas comerciales de jitomate.

Los RAPDs han sido utilizados para analizar la variabilidad genética existente en genotipos de tomate. Peteira et al. (2001) evaluaron 34 genotipos de tomate provenientes de la colección del INIFAT. Se detectaron polimorfismos genéticos entre las diferentes variedades comerciales de jitomate y algunas de las especies silvestres relacionadas. Se emplearon 11 iniciadores de secuencias arbitrarias, los cuales fueron capaces de amplificar 55 *loci*, de los cuales 35 permitieron encontrar diferencias en al menos una variedad, lo que representó 64 % de detección de polimorfismos. El iniciador que más *loci* polimórficos amplificó fue el OPA-01 (Operon Technology ®) Inc.) con 8 *loci* que representaron un rendimiento de 88.8 %. A pesar de que los iniciadores OPF-09 y OPF-12 produjeron menos bandas (5 y 6 bandas, respectivamente) todas fueron polimórficas, alcanzando 100 % de rendimiento. Para esta serie de iniciadores, el OPF-10 no produjo bandas polimórficas, por lo que no resultó útil en el estudio de la variabilidad genética de materiales de jitomate. Adicionalmente, la mayor diferenciación obtenida por distancias genéticas generadas a partir de los polimorfismos encontrados se obtuvo entre *L. peruvianum* y *L. esculentum*, resultados que concuerdan con la presencia de barreras en hibridación entre ambas especies, las cuales son resultado de diferencias genéticas entre ellas que se acentúan al no ocurrir naturalmente el intercambio de genes. La técnica RAPD estandarizada demostró ser efectiva para el estudio de variabilidad en jitomate y poseer, en las condiciones trabajadas, una repetibilidad acorde con lo reportado por otros autores en la literatura especializada del tema. Los datos que se obtuvieron con la aplicación de esta técnica permitieron realizar análisis de agrupamiento de utilidad en el manejo y

conservación del banco de germoplasma de jitomate, que es especialmente útil para la selección de progenitores.

Otro trabajo similar fue desarrollado por Primieri (2003), con el objetivo de estimar el grado de variabilidad genética entre 35 accesiones de jitomate, 12 variedades comerciales y 23 accesiones criollas, para lo cual utilizó tanto marcadores morfológicos como moleculares (proteicos y de ADN). El análisis de la variabilidad a través de marcadores RAPD permitió la identificación de todos los genotipos evaluados, confirmando la eficacia de este tipo de marcadores en la caracterización de materiales. El análisis de agrupamiento permitió la separación de siete grupos, que no tuvieron relación con aquéllos formados a partir de los perfiles proteicos. Por otra parte, el análisis discriminante demostró la existencia de relación entre los grupos formados mediante RAPD y los grupos originados a partir de la morfología del fruto. De una manera general, los materiales criollos presentaron la mayor variación en proteínas de semillas y en los marcadores RAPD, lo cual fue interpretado como una prueba de la reducción significativa de la base genética en los materiales comerciales.

Los RAPD también han demostrado ser una herramienta útil para la caracterización de la variabilidad genética inducida artificialmente mediante la aplicación de rayos gamma Co60 con el objetivo de producir materiales altamente productivos bajo condiciones limitantes de humedad. En un estudio realizado por (Mukandama et al. 2004), los 14 iniciadores utilizados generaron un total de 90 bandas, 80 de ellas polimórficas, lo cual sugirió la existencia de una gran diversidad genética dentro del material analizado, y fue posible

diferenciar molecularmente cuatro genotipos mutantes de sus respectivas variedades originales.

La distribución no aleatoria de la variación genética entre poblaciones de la misma especie se conoce como estructura genética de esas poblaciones, estructura que está determinada por factores genéticos como tasa de mutación, deriva genética, selección natural, flujo génico y sistemas de apareamiento, así como factores ecológicos que incluyen la historia de vida, distribución geográfica y mecanismo de dispersión de las especies (Hamrick 1999). Los marcadores moleculares RAPD permiten realizar estudios de estructura y variación genética de variedades comerciales, a partir de estimadores como el porcentaje de *loci* polimórficos (P), y heterocigosis promedio observada (H_o), así como la partición de la diversidad genética total (H_T) en sus componentes: diversidad dentro de poblaciones (H_S), entre poblaciones (D_{ST}) y la proporción de la diversidad genética total debida a diversidad entre poblaciones (G_{ST}) (Hernández et al. 2006).

4.5.2. AFLPs

Otros marcadores moleculares se han empleado para facilitar la introgresión de genes provenientes de especies silvestres en variedades comerciales de jitomate. Estos son los AFLPs (Polimorfismos de Fragmentos Amplificados de Diferente Longitud). En un estudio preliminar (Pratta et al. 2001), a partir de un cruzamiento interespecífico entre los genotipos Caimanta (*L. esculentum*) y la accesión LA722 (*L. pimpinellifolium*), se obtuvieron 17 líneas recombinantes divergentes para peso y vida de anaquel. Aunque la incorporación de genes de larga vida de anaquel presentes en LA722 permitió evitar los efectos pleiotrópicos indeseables que los mutantes espontáneos de *L. esculentum* provocan

sobre la calidad; se produjo una marcada disminución en el tamaño de los frutos, por lo que se buscó identificar marcadores moleculares asociados a estos caracteres para un uso más eficiente del germoplasma silvestre. La amplificación se realizó combinando 6 iniciadores *EcoRI*+3 y 6 iniciadores *MseI*+3, por lo que del total de 36 combinaciones posibles, 14 fueron efectivas para generar amplificaciones cuantificables y repetibles de fragmentos de un amplio rango de peso molecular (entre 1000 y 50 pb). El número total de fragmentos amplificados fue de 631, de los cuales 73 (12 %) fueron polimórficos. La caracterización por AFLP de los genotipos progenitores permitió seleccionar 14 combinaciones de iniciadores que generaron un número adecuado de fragmentos polimórficos, cuantificables y repetibles. Por lo que la aplicación de este análisis a las líneas recombinantes permitirá detectar asociaciones entre caracteres de interés agronómico y los marcadores AFLP.

4.5.3. Otros marcadores (SNPs, dCAPs)

Los cultivos hortícolas autógamos como el jitomate se caracterizan por tener una estrecha base genética lo que conlleva una escasa variabilidad genética, por lo que los microsatélites, los SNPs (*Single Nucleotide Polymorphism*)(polimorfismos de un sólo nucleótido) y los dCAPs (*derived Cleaved Amplified Polymorphic Sequences*)(secuencias polimórficas amplificadas derivadas) son útiles para estudios de caracterización de la variabilidad alélica, para el mapeo genómico y para la selección asistida por marcadores. Por lo que (García et al. 2007) evaluaron 51 accesiones de jitomate (variedades tradicionales del sureste español, híbridos comerciales y variedades silvestres) con 34 SNPs y 2 dCAPS. Los SNPs fueron analizados como CAPS: los fragmentos amplificados fueron digeridos mediante enzimas de restricción, obteniendo diferentes patrones para cada una de las accesiones. Los dCAPS se utilizaron cuando no se encontraron enzimas de restricción

que coincidieran con los polimorfismos, así se diseñaron nuevos iniciadores con pequeños errores que creaban un nuevo sitio de restricción que podía ser detectado por alguna enzima y así poder usarlo para diferenciar los distintos alelos. Todos los híbridos comerciales fueron fácilmente diferenciables mediante uno o varios SNPs, pero la variabilidad entre y dentro las variedades tradicionales fue baja.

V. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1. Localización del sitio experimental

El presente trabajo de investigación se realizó en el Laboratorio de Biotecnología Agrícola e Invernaderos del Departamento de Fitotecnia de la Universidad Autónoma Chapingo, Estado de México, localizado a 19° 29' LN y 98° 53' LO, con altitud de 2240 msnm, con una temperatura media anual de 15,9 °C y una precipitación media anual de 686 mm.

5.2. Material experimental

Un total de 87 materiales (híbridos y variedades) generados tanto por instituciones públicas como privadas, fueron sembrados bajo condiciones de invernadero. Se emplearon charolas semilleros de poliestireno de 200 cavidades donde se colocaron de 2 a 3 semillas por cavidad y se utilizó vermicomposta como sustrato para la obtención de plántulas. Estos materiales fueron tanto de hábito determinado como indeterminado y la forma del fruto fue tipo bola y saladete (Cuadro 1). En el momento que las plántulas alcanzaron una altura aproximada de entre 10 y 15 cm, lo que ocurrió entre 15 a 20 días después de la siembra, se procedió a seleccionar y cortar hojas jóvenes, frescas y sanas.

CUADRO 1. Características de los híbridos y variedades evaluados.

| Clave | Nombre | Hábito de crecimiento | Tipo de fruto |
|--------------|-----------------|------------------------------|----------------------|
| 101 | 843115 | Indeterminado | Bola |
| 102 | Ball 544191 | Indeterminado | Bola |
| 103 | Beef Master | Indeterminado | Bola |
| 104 | Better Boy | Indeterminado | Bola |
| 105 | Big Beef | Indeterminado | Bola |
| 106 | Bond | Indeterminado | Bola |
| 107 | Compadre | Indeterminado | Bola |
| 108 | Drw 5621 | Indeterminado | Bola |
| 110 | Galileo Formely | Indeterminado | Bola |
| 111 | Helita | Indeterminado | Bola |
| 112 | Jobot | Indeterminado | Bola |
| 113 | Jubilee | Indeterminado | Bola |
| 114 | Kastalia | Indeterminado | Bola |
| 115 | Lemon Boy | Indeterminado | Bola |
| 117 | Lucky Lady 89 | Indeterminado | Bola |
| 119 | Park 112589 | Indeterminado | Bola |
| 121 | Ps 1156958 | Indeterminado | Bola |
| 123 | Qualit 21 | Indeterminado | Bola |
| 126 | Terrifie Ufn | Indeterminado | Bola |
| 127 | Carnival | Indeterminado | Bola |
| 128 | Trus | Indeterminado | Bola |
| 129 | Hayslip | Indeterminado | Bola |
| 130 | Halley | Indeterminado | Bola |
| 131 | W 4041 | Indeterminado | Bola |
| 132 | Tropic | Indeterminado | Bola |
| 133 | Ps 151052 | Indeterminado | Bola |
| 134 | Gironda | Indeterminado | Bola |
| 135 | Round Beef | Indeterminado | Bola |
| 136 | 136703 | Indeterminado | Bola |
| 137 | 136652 | Indeterminado | Bola |
| 138 | Psr 01512626 | Indeterminado | Bola |
| 139 | Matina | Indeterminado | Bola |
| 140 | Hellfrucht | Indeterminado | Bola |
| 203 | Santa Cruz Kada | Indeterminado | Saladete |
| 209 | Vacannora | Indeterminado | Saladete |
| 212 | Haldor | Indeterminado | Saladete |
| 213 | Psx 5712 | Indeterminado | Saladete |
| 214 | Coynac | Indeterminado | Saladete |
| 215 | Diplom | Indeterminado | Saladete |
| 216 | Reconquista | Indeterminado | Saladete |
| 217 | Sun 7705 | Indeterminado | Saladete |
| 218 | Drw 3410 | Indeterminado | Saladete |
| 301 | Madeer | Determinado | Saladete |

Cuadro 1. Continuación

| Clave | Nombre | Hábito de crecimiento | Tipo de fruto |
|-------|-------------------|-----------------------|---------------|
| 302 | Yaqui | Determinado | Saladete |
| 303 | Río Colorado | Determinado | Saladete |
| 304 | Mónica | Semideterminado | Saladete |
| 306 | Zuley | Determinado | Saladete |
| 307 | Híbrido 882 | Determinado | Saladete |
| 308 | Hypeel 45 | Determinado | Saladete |
| 309 | Italpel | Determinado | Saladete |
| 310 | Río Fuego | Determinado | Saladete |
| 311 | W4041 | Determinado | Saladete |
| 313 | Azteca | Determinado | Saladete |
| 316 | Casa del Sol | Determinado | Saladete |
| 318 | 851021 | Determinado | Saladete |
| 320 | W 4040 | Determinado | Saladete |
| 324 | Drd 8171 | Determinado | Saladete |
| 327 | PS 31212 | Determinado | Saladete |
| 329 | Sunre 6110 | Determinado | Saladete |
| 330 | Toro | Determinado | Saladete |
| 331 | Rogers | Determinado | Saladete |
| 332 | Santa | Determinado | Saladete |
| 333 | Ef 110 | Determinado | Saladete |
| 334 | Cortez | Determinado | Saladete |
| 401 | Sun Master | Determinado | Bola |
| 402 | Floradade | Determinado | Bola |
| 404 | Ginan | Determinado | Bola |
| 405 | Chiro | Determinado | Bola |
| 407 | W 489 | Determinado | Bola |
| 408 | Acclaim | Determinado | Bola |
| 409 | Pik Ripe | Determinado | Bola |
| 410 | Px 150420 | Determinado | Bola |
| 411 | Vilmorin | Determinado | Bola |
| 413 | 3026 Hazera | Determinado | Bola |
| 414 | 3603 Hazera | Determinado | Bola |
| 415 | Psx 5712 | Determinado | Bola |
| 420 | Nema 1400 | Determinado | Bola |
| 421 | Equinos | Determinado | Bola |
| 422 | Heat Master | Determinado | Bola |
| 423 | Vilmorin Charanda | Determinado | Bola |
| 424 | Leila | Determinado | Bola |
| 425 | Marcia Hazera | Determinado | Bola |
| 426 | Zaden | Determinado | Bola |
| 427 | Monte Verde | Determinado | Bola |
| 428 | Caimán | Determinado | Bola |
| 429 | Maya | Determinado | Bola |
| 430 | 660 | Determinado | Bola |

5.3. Extracción de ADN

La extracción de ADN de los 87 genotipos de jitomate se realizó según el protocolo propuesto por (De la Cruz et al. 1997). A partir de hojas jóvenes frescas se pesaron 0.3 g de tejido fresco por material, y se procedió a lavar y desinfectar con alcohol a 70 % para garantizar la pureza del ADN a extraer y luego se secó. Las muestras fueron colocadas en morteros previamente enfriados con nitrógeno líquido y se maceraron hasta obtener un polvo fino. Se pasó el tejido pulverizado a microtubos de 1.5 mL, conteniendo 600 μ L de amortiguador de extracción: (Tris-HCl 100 mM, EDTA-Na₂ 50 mM, NaCl 500 mM, 2-mercaptoetanol 10 mM, SDS 1.3 %, pH 8.0) y se mezclaron bien, agitando por unos segundos. Se incubaron a 65 °C por 60 minutos con inversión ocasional en un termoblock (Scientific Products, modelo 8297). Luego se les agregó 200 μ L de acetato de potasio 5 M, agitando por inversión y se dejaron por 30 minutos en hielo. Se centrifugó en una centrífuga 5415C Eppendorf a 15 000 rpm durante 10 minutos a temperatura ambiente. Con ayuda de una micropipeta se separó el sobrenadante y se colocó en tubos Eppendorf nuevos. Después se adicionaron 700 μ L de isopropanol frío, se mezcló suavemente por inversión y se incubó a -20 °C durante 30 minutos para precipitar el ADN. Posteriormente se centrifugó a temperatura ambiente a 10 000 rpm durante 5 minutos, se descartó el sobrenadante y se dejó secar la “pastilla” de ADN. Se agregaron 200 μ L de solución para diluir (Tris-HCl 50 mM, EDTA-Na₂ 10 mM, pH 8.0) a cada tubo, para dejarse resuspendiendo durante toda la noche a 4 °C. Una vez resuspendido el ADN, a cada tubo se adicionó 2 μ L de ARNasa A (10 mg·mL⁻¹, marca Promega) y se incubaron a 37 °C durante una hora para eliminar el ARN. Posteriormente, se agregó 20 μ L de acetato de sodio 3 M y

200 μL de isopropanol, mezclando por inversión y se dejó a $-20\text{ }^\circ\text{C}$. Se centrifugó por 5 minutos a 10 000 rpm a temperatura ambiente, eliminando el sobrenadante, se lavó el precipitado con 300 μL de etanol a 70 % dejando secar la pastilla, ésta se disolvió en 100 μL de TE, y se almacenó a $4\text{ }^\circ\text{C}$.

5.3.1. Evaluación de la calidad y cantidad de ADN

En un tubo Eppendorf se agregaron 5 μL de ADN original con 995 μL de agua bidestilada estéril, se mezcló perfectamente y se colocó en un espectrofotómetro Ultraspect, mismo que previamente se calibró a 260 nm; de la absorbancia obtenida se calculó la concentración de ADN en la solución de acuerdo con la siguiente fórmula:

$$\text{Concentración de ADN } (\mu\text{g}\cdot\mu\text{L}^{-1}) = \frac{(\text{Abs}_{260})(200)(50\mu\text{g}\cdot\text{mL})}{1000}$$

Donde:

Abs_{260} = Absorbancia en nanómetros

200 = Factor de dilución

$50\ \mu\text{g}\cdot\text{mL}^{-1}$ = 1 D. O.

D. O. = Densidad óptica

Una vez cuantificado el ADN, se verificó su integridad y calidad en un gel de agarosa al 1.2 % (p/v), para lo que se siguió el procedimiento siguiente:

Primero para saber cuantos μL de ADN original se necesitaban para cargar 1 μg en el gel se realizó un cálculo con la fórmula siguiente:

$$\mu\text{L de ADN original necesarios para cargar } 1\ \mu\text{g} = \frac{(1\mu\text{g} - \mu\text{L}^{-1}\text{deADN})(1\mu\text{L})}{(\text{Concentración de ADN en } \mu\text{g}\cdot\mu\text{L}^{-1}\text{deADN})}$$

Realizados todos los cálculos, se pesó 2.16 g de agarosa y se colocaron en un matraz al que se le adicionó 180 mL de amortiguador TAE 0.5X (Tris base 40 mM, pH 7.8; Acetato de Sodio 20 mM y EDTA 2 mM, pH 8.0) para hacer un gel a una concentración de 1.2 % (p/v) de agarosa. Esto se mezcló y se puso a hervir hasta disolver perfectamente, se dejó enfriar y se vació en un portageles. Cuando se solidificó se colocó en una cámara de electroforesis y se cubrió con amortiguador de corrida TAE 0.5 X.

Posteriormente, en un trozo de parafilm se colocaron gotas 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) mismas que se mezclaron con la cantidad de ADN calculada según la fórmula mencionada previamente. Posteriormente, el ADN de las muestras más el amortiguador fueron depositados en los pozos centrales y en los extremos del gel se colocaron 3 μ L de marcador de peso molecular de 1 kb. Finalmente, se realizó la electroforesis a 85 voltios durante 2.5 h. Concluida la electroforesis, 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 15 minutos. Después se escurrió y se colocó sobre un transiluminador de luz UV y se documentó con una cámara Kodak EDAS 290.

5.3.2. Amplificación del ADN

Para la obtención de patrones RAPD se probaron 20 iniciadores de la serie A, 20 de la serie B y 10 de la serie D (Figura 1) de Operon Technology ® Inc., de los cuales se seleccionaron los 22 que mejor patrón de bandeo mostraron (Cuadro 4). Posteriormente se realizaron las reacciones de PCR (Polymerase Chain Reaction, por sus siglas en inglés) con dichos iniciadores, aplicando el protocolo propuesto por (Williams et al. 1990).

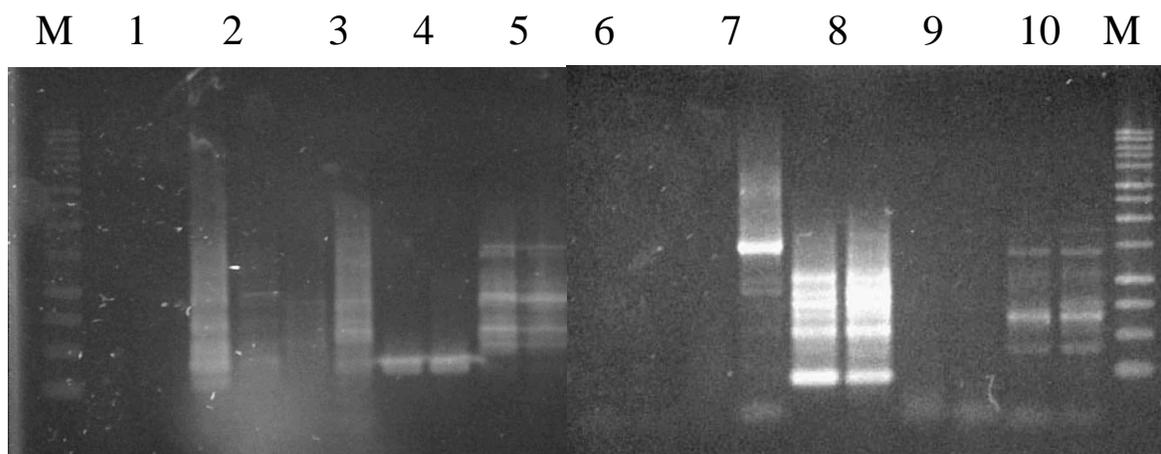


FIGURA 1. Prueba de iniciadores de la serie A y D de Operon (Operon Technologies ® Inc., Alameda, E. U.) en muestras aleatorias de jitomate. OPA02 (1), OPA04 (2), OPA05 (3), OPA07 (4), OPA08 (5), OPD02 (6), OPD03 (7), OPD04 (8), OPD05 (9), OPD07 (10), M = marcador de peso molecular

CUADRO 2. Componentes de la mezcla de la Reacción en Cadena de la Taq ADN polimerasa (PCR), para la obtención de patrones RAPD.

| Componentes de la mezcla | Volumen en μL |
|---|--|
| dH ₂ O (bidestilada estéril) | 3.2 |
| dNTP's (500 μM) | 10.0 |
| Amortiguador de PCR (10 X) | 2.5 |
| MgCl ₂ (50 mM) | 1.0 |
| Oligonucleótidos (10 pmol. μL^{-1}) | 3.0 |
| Taq ADN polimerasa (5 U μL^{-1}) | 0.3 |
| ADN genómico (10 ng μL^{-1}) | 5.0 |
| Total | 25.0 |

En un tubo Eppendorf de 1.5 mL se agregó 2 μL de ADN concentrado, al cual se le adicionó la cantidad de agua bidestilada estéril calculada con la fórmula:

Volumen de agua para obtener una dilución de ADN a $10 \text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ = $(\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ de ADN de la muestra original * $2 \mu\text{L}$ de ADN de la muestra original/ 10 ng , para obtener una dilución a 10 ng de $\text{ADN}\cdot\mu\text{L}^{-1}$.

Posteriormente, para cada genotipo se marcó un tubo Eppendorf de 0.2 mL y se adicionaron 5 μL del ADN diluidos a 10 ng y en un tubo de 1.5 mL se preparó la mezcla de reacción en un volumen total de 25 μL . La mezcla de reacción estuvo formada por amortiguadores, enzima Taq ADN polimerasa ((Fermentas Life Sciences), e iniciador según se muestra en el Cuadro 2. Adicionalmente, 20 μL de la mezcla de reacción se colocaron en cada tubo y se incubaron en un termociclador Techne TC-412 bajo las condiciones de temperatura que se indican en el Cuadro 3.

CUADRO 3. Condiciones de temperatura de los ciclos de amplificación de la PCR (Reacción en Cadena de la Taq ADN Polimerasa), para la obtención de patrones RAPD

| Fase | Temperatura ($^{\circ}\text{C}$) | Tiempo (minutos) | Número de ciclos |
|-----------------------|------------------------------------|------------------|------------------|
| Pre-desnaturalización | 94 | 9 | 1 |
| Desnaturalización | 94 | 1 | 35 |
| Alineamiento | 37 | 1 | |
| Extensión | 72 | 1 | |
| Extensión final | 72 | 7 | 1 |

Los productos se separaron por electroforesis en geles de agarosa, teñidos con bromuro de etidio y se documentaron tal como se señala en la sección de cuantificación y evaluación de la integridad del ADN. La comparación entre los genotipos se hizo evaluando las similitudes y las diferencias en los patrones de bandeo, asignando el valor de 0 a la ausencia y 1 a la presencia de una banda. Se cuantificó el número de bandas producto de la amplificación para cada iniciador, asignándose un número de acuerdo con la distancia de

migración en el gel. Se realizó el registro de los patrones RAPD obtenidos con los 22 iniciadores para los 87 genotipos y con esa información se construyó una matriz básica de datos (MBD).

5.4. Análisis estadístico

Para establecer los patrones de bandas generados por los productos amplificados, se construyó una matriz de datos, emparejando las bandas a través de sus pesos moleculares. Para incrementar la precisión en el registro de bandas, su identidad fue corroborada aplicando ecuaciones de regresión lineal simple, debido a que fue necesario utilizar distintos geles independientes para obtener los patrones de bandeo de los 87 genotipos evaluados, así como por la presencia del “efecto sonrisa” común en el corrimiento de geles. Una vez establecida la identidad de las bandas observadas se procedió a la construcción de la MBD. Posteriormente, basado en el estudio de (Lynch 1994, ecuación 2a), se realizaron correcciones a esta matriz, eliminando las bandas que presentaron una frecuencia de alelos nulos (ausentes) menor a $3/N$, donde N correspondió al tamaño de muestra analizada, en este caso 87 materiales. A partir de la matriz final se calculó una matriz de similitud utilizando el coeficiente de Jaccard (1908), y las distancias de Nei (1978) y Rogers (1972), mediante el paquete computacional Free Tree versión 1.50 (Hampel et al., 2001).

Adicionalmente con los datos resultantes se realizó un análisis de agrupamiento (UPGMA, Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average; (Sneath, 1973), usando como criterio de agrupamiento hábito de crecimiento y tipo de fruto, lo que proporcionó cuatro dendrogramas de relaciones genéticas entre los materiales. Para verificar la robustez de los agrupamientos obtenidos, se realizaron 1,000 remuestreos (bootstrapping) con el programa Free Tree. Los dendrogramas así obtenidos fueron graficados utilizando el programa TreeView versión 1.6.6 (Page, 1996).

Adicionalmente se realizó un análisis de diversidad genética de poblaciones utilizando el programa Popgene 1.32 (Yeh y Boyle 1999), estimándose los siguientes parámetros:

Porcentaje de loci polimórficos (P): representó la suma total de *loci* polimórficos observados dividida entre el número total de *loci* analizados. En el caso de marcadores RAPD se considera que un *loci* es polimórfico cuando éste presenta sus dos variantes alélicas (presencia o ausencia de banda) independientemente de su frecuencia.

Número de alelos por locus (A): número medio de alelos por locus (incluye tanto *loci* monomórficos como polimórficos).

Número efectivo de alelos por locus (Ae): Estimación del recíproco de la homocigosidad, de acuerdo con Hartl y Clark (1989) ($1/\sum q_i^2$, donde q_i es la frecuencia del alelo i).

Índice de Diversidad Genética de Shannon (S): Medida de la abundancia relativa de cada población, calculada como la proporción de cada población respecto al número total de individuos:

$$S = -\sum_{i=1}^s p_i \ln p_i$$

Índice de diversidad genética de Nei (H): Medida de la diversidad genética por locus dentro de poblaciones:

$$H = \frac{1}{k} \sum_{i=1}^k [1 - q_s^2 - (1 - q_s)^2]$$

Donde: q_s = frecuencia de uno de los dos alelos en el locus dialélico s .

Coefficiente de diferenciación genética entre poblaciones (G_{ST}): medida de los cambios en heterocigosidad debidos a la subdivisión poblacional y deriva genética. Hart (1997) establecen el siguiente criterio para clasificar el grado de diferenciación entre poblaciones:

| | |
|------------------------|----------------------------------|
| 0.00 – 0.05 | Diferenciación genética pequeña |
| 0.05 – 0.15 | Diferenciación genética moderada |
| 0.15 – 0.25 | Diferenciación genética alta |
| G _{ST} > 0.25 | Diferenciación genética muy alta |

Grado de flujo genético (Nm): medida del grado de transferencia de material genético entre poblaciones dado por el movimiento de los individuos o de sus gametos, es decir, número absoluto de individuos intercambiados entre poblaciones por generación, calculado de la siguiente forma:

$$Nm = 0.5 (1 - G_{ST})/G_{ST}$$

VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

6.1. Análisis de los patrones de marcadores RAPDs

El cultivo del jitomate es una especie autógama que ha sido sometida a un intenso proceso de mejoramiento genético, por lo que estudios previos realizados con isoenzimas, RFLPs y RAPDs han mostrado una reducida variabilidad genética, lo cual se refleja en niveles bajos de polimorfismo, lo que a su vez dificulta una eficiente separación entre materiales (Villand *et al.*, 1998; Peteira *et al.*, 2001). Por lo que los resultados obtenidos en el presente estudio siguieron esta misma tendencia, ya que de los 50 iniciadores de secuencia aleatoria evaluados, únicamente 22 de ellos produjeron bandas amplificadas registrables (Cuadro 4). El promedio de bandas detectado por iniciador fue de 8; siendo el iniciador OPA-08 el que más bandas produjo (12), mientras que los iniciadores OPB-05 y OPD-04 sólo amplificaron 4 bandas.

De las 158 bandas amplificadas, sólo 82 permitieron encontrar diferencias en al menos una variedad, lo que representa una eficiencia del 51.9 % en la detección de polimorfismos. No obstante, del total de 82 bandas detectadas, para efectos de análisis de patrones RAPDs sólo se seleccionaron las 48 bandas que reunieron el criterio de Lynch (1994), corrección recomendada para evitar el sesgo en el análisis genético poblacional atribuido a la dominancia de los marcadores RAPD. El iniciador OPA-08 fue el que produjo el mayor número de bandas informativas, seguido por OPA-04, OPA-19, y OPD-04, coincidiendo con resultados reportados por Foolad *et al.* (1993), Peteira *et al.* (2001), Archak *et al.* (2002), quienes encontraron que los iniciadores de la serie A de Operon Technologies @ Inc. fueron los más efectivos para detectar polimorfismo en materiales de jitomate.

CUADRO 4. Secuencia de iniciadores polimórficos, producción de bandas totales y polimórficas.

| Iniciador | Secuencia | Bandas totales | Polimórficas | % de bandas polimórficas | % de bandas monomórficas |
|--------------|-------------------|----------------|--------------|--------------------------|--------------------------|
| A-02 | 5'TTC CGA ACC C3' | 8 | 5 | 62.50 | 37.50 |
| A-04 | 5'AAT CGG GCT G3' | 8 | 4 | 50 | 50 |
| A-05 | 5'AGG GGT CTT G3' | 7 | 4 | 57.15 | 42.85 |
| A-07 | 5'GAA ACG GGT G3' | 7 | 5 | 71.43 | 28.57 |
| A-08 | 5'GTG ACG TAG G3' | 12 | 8 | 66.67 | 33.33 |
| A-09 | 5'GGG TAA CGC C3' | 6 | 3 | 50 | 50 |
| A-10 | 5'GTG ATC GCA G3' | 6 | 3 | 50 | 50 |
| A-13 | 5'CAG CAC CCA C3' | 5 | 0 | 0 | 100 |
| A-14 | 5'TCT GTG CTG G3' | 5 | 1 | 20 | 80 |
| A-15 | 5'TTC CGA ACC C3' | 5 | 3 | 60 | 40 |
| A-18 | 5'AGG TGA CCG T3' | 7 | 3 | 42.86 | 57.14 |
| A-19 | 5'CAA ACG TCG G3' | 9 | 6 | 66.67 | 33.33 |
| B-05 | 5'TGC GCC CTT C3' | 4 | 0 | 0 | 100 |
| B-06 | 5'TGC TCT GCC C3' | 6 | 3 | 50 | 50 |
| B-15 | 5'GGA GGG TGT T3' | 7 | 3 | 42.86 | 57.14 |
| D-02 | 5'GGA CCC AAC C3' | 8 | 5 | 62.50 | 37.50 |
| D-03 | 5'GTC GCC GTC A3' | 8 | 5 | 62.50 | 37.50 |
| D-04 | 5'TCT GGT GAG G3' | 4 | 3 | 85.72 | 14.28 |
| D-05 | 5'TGA GCG GAC A3' | 10 | 6 | 60 | 40 |
| D-07 | 5'TTG GCA CGG G3' | 5 | 3 | 60 | 40 |
| D-08 | 5'GTG TGC CCC A3' | 8 | 5 | 62.50 | 37.50 |
| D-10 | 5'GGT CTA CAC C3' | 6 | 4 | 66.67 | 33.33 |
| Total | | 151 | 82 | 54.30 | 45.70 |

La MBD fue utilizada para calcular la matriz de distancias (similitud) entre pares de poblaciones utilizando la opción de agrupamiento secuencial, jerárquico y anidado (SAHN) del programa NTSYS-PC versión 2.02. Se obtuvieron dendrogramas construidos para distintas distancias genéticas, entre ellas las de Jaccard (1908), Nei (1978) y Rogers (1972), no obstante, los agrupamientos obtenidos no separaron claramente los materiales de jitomate por hábito de crecimiento y tipo de fruto, probablemente debido a la reducida distancia genética entre ellos Peteira et al. (2000), por lo que se decidió realizar el análisis de agrupamiento utilizando como variables predefinidas de agrupamiento hábito de crecimiento: determinado e indeterminado, y tipo de fruto: bola o saladete, lo cual separó a

priori a los 87 materiales evaluados en cuatro grandes grupos y se procedió a construir los dendrogramas respectivos utilizando la distancia de Nei (1978) y el programa Free Tree versión 0.9.1.50. Para corroborar la robustez de los dendrogramas obtenidos se realizaron 1,000 remuestreos (bootstrapping) para conseguir el dendrograma de consenso para cada grupo. Estos dendrogramas fueron graficados mediante el programa Tree View versión 1.6.6.

Las distancias genéticas de Nei entre colectas de jitomate tipo bola y de hábito indeterminado (serie 100) se presentan en el Cuadro 5. Como puede apreciarse en este cuadro, las distancias entre materiales fueron bajas en general, ya que 64 % de los materiales presentaron distancias menores o iguales a 0.70, sugiriendo un alto grado de parentesco entre las colectas evaluadas.

En la Figura 2 se presenta el agrupamiento obtenido. A una distancia de Nei de 0.70 se observa la presencia de seis grupos, en donde el mayor de ellos estuvo formado por 21 de los 33 materiales evaluados, dentro del cual se encontraron los genotipos más cercanos genéticamente, los cuales fueron 101 (843115) y 139 (Matina) con un valor de identidad de 0.94 (Cuadro 9), seguidos por 128 (Trus) y 131 (W 4041), y los genotipos 110 (Galileo Formely) y 137 (136652) ambos con valor de identidad de 0.89.

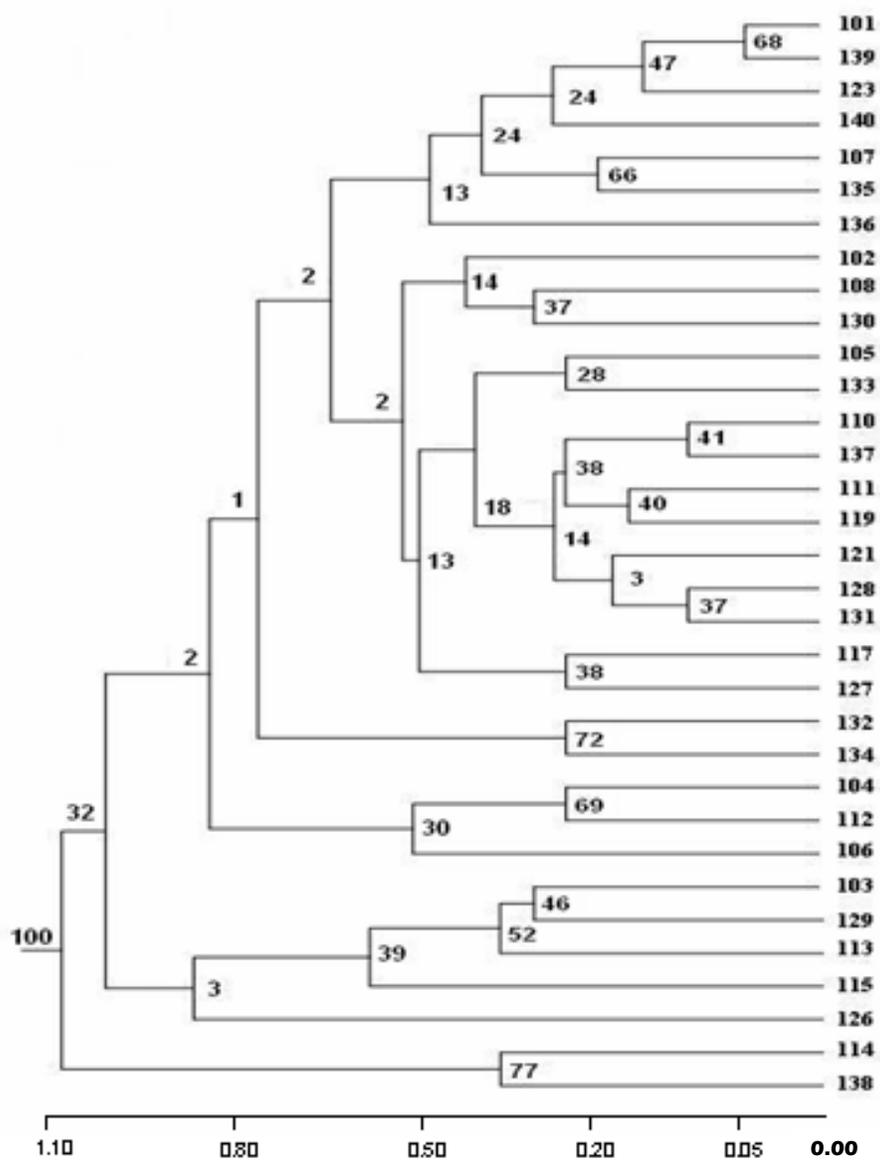


FIGURA 2. Dendrograma de 33 genotipos de jitomate tipo bola indeterminado generado mediante 1000 remuestreos y utilizando la distancia de Nei (1978).

Asimismo se puede apreciar en esta figura que material genéticamente más distante dentro de los genotipos tipo bola indeterminado evaluados en este estudio fue 138 (Psr 01512626), el cual presentó divergencia genética alta (0.93) particularmente respecto a los materiales 131 (W 4041) y 133 (Ps 151052). No obstante, el par de materiales con mayor distancia genética entre ellos (1.04) fue 126 (Terrifie Ufn) X 132 (Tropic), por lo que si se realiza

esta cruce particular se esperaría una progenie más divergente, de acuerdo con lo sugerido por Nienhuis (1994). Adicionalmente, el genotipo 126 se mostró genéticamente distante de 107 (Compadre) y 135 (Round Beef), mientras que el material 132 presentó gran distancia genética (0.93) de los materiales 115 y 129; por lo sería de esperarse que los cruzamiento entre ellos produjeran también descendencia divergente.

En la Figura 3 se presenta el dendrograma obtenido para los 9 genotipos de jitomate tipo saladete indeterminado evaluados (serie 200). En ella se pueden observar tres grupos a una distancia de 0.65, el mayor de ellos formado por 4 genotipos, mientras que el tercer grupo estuvo integrado por los dos materiales genéticamente más cercanos de este tipo, los cuales fueron 209 (Vacannora) y 214 (Coynac), con una identidad genética de 0.83 (Cuadro 5). El genotipo más divergente de este grupo fue el 214 (Coynac), mientras que la mayor distancia entre pares de materiales se obtuvo entre éste y el genotipo 203 (Santa Cruz Kada), por lo que se esperaría que la cruce entre estos dos materiales exhiba alta heterosis, debido a la gran distancia genética entre ellos (0.93) (Cuadro 5) (Bartkaite, 2001).

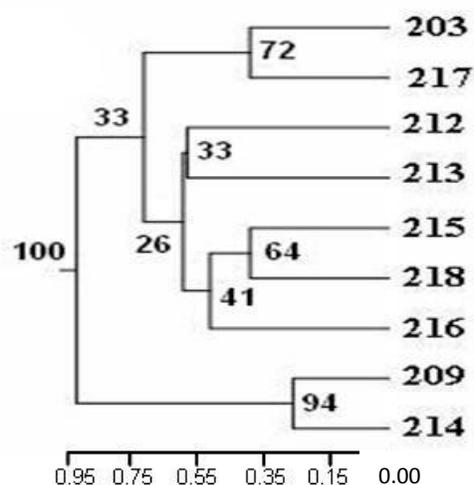


FIGURA 3. Dendrograma de 10 genotipos de jitomate tipo saladete indeterminado generado mediante 1000 remuestreos y utilizando la distancia de Nei (1978).

CUADRO 5. Matriz de identidad genética (arriba de la diagonal) y distancia genética (debajo de la diagonal) de Nei (1978) para genotipos de jitomate tipo saladete indeterminado.

| Variedades | 203 | 209 | 212 | 213 | 214 | 215 | 216 | 217 | 218 |
|------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 203 | - | 0.52 | 0.58 | 0.60 | 0.39 | 0.46 | 0.54 | 0.77 | 0.56 |
| 209 | 0.65 | - | 0.60 | 0.54 | 0.83 | 0.60 | 0.64 | 0.58 | 0.75 |
| 212 | 0.54 | 0.50 | - | 0.69 | 0.52 | 0.67 | 0.71 | 0.73 | 0.69 |
| 213 | 0.50 | 0.61 | 0.37 | - | 0.46 | 0.60 | 0.69 | 0.75 | 0.75 |
| 214 | 0.93 | 0.18 | 0.65 | 0.78 | - | 0.56 | 0.60 | 0.54 | 0.62 |
| 215 | 0.78 | 0.50 | 0.40 | 0.50 | 0.57 | - | 0.67 | 0.69 | 0.77 |
| 216 | 0.61 | 0.44 | 0.34 | 0.37 | 0.50 | 0.40 | - | 0.77 | 0.77 |
| 217 | 0.26 | 0.54 | 0.31 | 0.29 | 0.61 | 0.37 | 0.26 | - | 0.75 |
| 218 | 0.57 | 0.29 | 0.37 | 0.29 | 0.47 | 0.26 | 0.26 | 0.29 | - |

En la Figura 4 se presenta el dendrograma obtenido para los 22 genotipos tipo saladete determinado (serie 300). A una distancia de 0.55 se observa la formación de cinco grupos

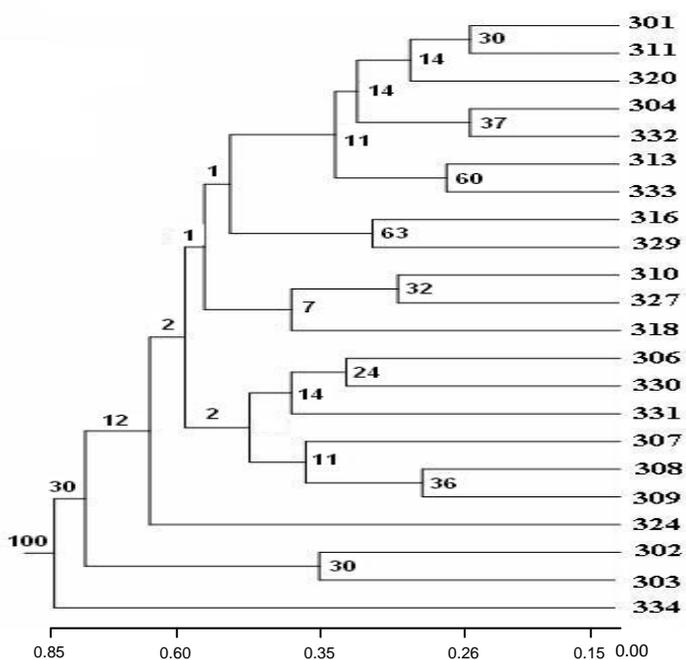


FIGURA 4. Dendrograma de 22 genotipos de jitomate de tipo saladete determinado generado mediante 1000 remuestreos y utilizando la distancia de Nei (1978).

el más numeroso de ellos con 12 de los genotipos, entre ellos los materiales genéticamente más cercanos, los cuales fueron 301 (Madeer) y 311 (W4041) con una identidad de 0.85

(Cuadro 6). El genotipo más distante genéticamente dentro de este grupo fue el 334 (Cortez), mientras que la mayor distancia entre pares de materiales (0.83) fue entre 334 (Cortez) y 306 (Zuley), así como entre 334 (Cortez) y 318 (851021) por lo que ambos cruzamientos podrían producir descendientes transgresivos debido a la divergencia genética entre ellos (De Vicente y Tanksley, 1993).

CUADRO 6. Matriz de identidad genética (arriba de la diagonal) y distancia genética (debajo de la diagonal) de Nei (1978) para genotipos de jitomate tipo saladete determinado.

| Variedades | 301 | 302 | 303 | 304 | 306 | 307 | 308 | 309 | 310 | 311 | 313 | 316 | 318 | 320 | 324 | 327 | 329 | 330 | 331 | 332 | 333 | 334 |
|------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 301 | - | 0.54 | 0.52 | 0.83 | 0.50 | 0.64 | 0.73 | 0.58 | 0.62 | 0.85 | 0.75 | 0.67 | 0.69 | 0.81 | 0.58 | 0.75 | 0.64 | 0.71 | 0.56 | 0.77 | 0.75 | 0.56 |
| 302 | 0.61 | - | 0.73 | 0.54 | 0.71 | 0.60 | 0.69 | 0.54 | 0.62 | 0.60 | 0.54 | 0.50 | 0.48 | 0.48 | 0.46 | 0.58 | 0.56 | 0.62 | 0.64 | 0.56 | 0.50 | 0.48 |
| 303 | 0.65 | 0.31 | - | 0.52 | 0.73 | 0.71 | 0.58 | 0.60 | 0.73 | 0.62 | 0.52 | 0.48 | 0.62 | 0.58 | 0.48 | 0.69 | 0.50 | 0.60 | 0.54 | 0.50 | 0.52 | 0.58 |
| 304 | 0.18 | 0.61 | 0.65 | - | 0.62 | 0.64 | 0.73 | 0.54 | 0.58 | 0.77 | 0.71 | 0.71 | 0.69 | 0.73 | 0.50 | 0.71 | 0.64 | 0.67 | 0.60 | 0.85 | 0.75 | 0.56 |
| 306 | 0.69 | 0.34 | 0.31 | 0.47 | - | 0.69 | 0.64 | 0.67 | 0.58 | 0.56 | 0.54 | 0.58 | 0.44 | 0.56 | 0.50 | 0.54 | 0.52 | 0.75 | 0.69 | 0.69 | 0.62 | 0.44 |
| 307 | 0.44 | 0.50 | 0.34 | 0.44 | 0.37 | - | 0.71 | 0.73 | 0.69 | 0.62 | 0.64 | 0.60 | 0.67 | 0.62 | 0.52 | 0.69 | 0.62 | 0.69 | 0.62 | 0.71 | 0.69 | 0.58 |
| 308 | 0.31 | 0.37 | 0.54 | 0.31 | 0.44 | 0.34 | - | 0.81 | 0.73 | 0.75 | 0.73 | 0.73 | 0.67 | 0.62 | 0.69 | 0.64 | 0.71 | 0.73 | 0.67 | 0.79 | 0.73 | 0.54 |
| 309 | 0.54 | 0.61 | 0.50 | 0.61 | 0.40 | 0.31 | 0.21 | - | 0.62 | 0.60 | 0.62 | 0.62 | 0.60 | 0.64 | 0.75 | 0.50 | 0.60 | 0.71 | 0.69 | 0.64 | 0.71 | 0.56 |
| 310 | 0.47 | 0.47 | 0.31 | 0.54 | 0.54 | 0.37 | 0.31 | 0.47 | - | 0.73 | 0.58 | 0.62 | 0.69 | 0.60 | 0.67 | 0.79 | 0.60 | 0.71 | 0.64 | 0.64 | 0.54 | 0.64 |
| 311 | 0.16 | 0.50 | 0.47 | 0.26 | 0.57 | 0.47 | 0.29 | 0.50 | 0.31 | - | 0.77 | 0.64 | 0.75 | 0.79 | 0.60 | 0.77 | 0.62 | 0.69 | 0.58 | 0.79 | 0.73 | 0.62 |
| 313 | 0.29 | 0.61 | 0.65 | 0.34 | 0.61 | 0.44 | 0.31 | 0.47 | 0.54 | 0.26 | - | 0.67 | 0.64 | 0.73 | 0.71 | 0.62 | 0.69 | 0.67 | 0.56 | 0.73 | 0.83 | 0.56 |
| 316 | 0.40 | 0.69 | 0.73 | 0.34 | 0.54 | 0.50 | 0.31 | 0.47 | 0.47 | 0.44 | 0.40 | - | 0.64 | 0.60 | 0.62 | 0.58 | 0.77 | 0.58 | 0.60 | 0.77 | 0.67 | 0.52 |
| 318 | 0.37 | 0.73 | 0.47 | 0.37 | 0.83 | 0.40 | 0.40 | 0.50 | 0.37 | 0.29 | 0.44 | 0.44 | - | 0.71 | 0.56 | 0.73 | 0.62 | 0.52 | 0.58 | 0.62 | 0.69 | 0.67 |
| 320 | 0.21 | 0.73 | 0.54 | 0.31 | 0.57 | 0.47 | 0.47 | 0.44 | 0.50 | 0.23 | 0.31 | 0.50 | 0.34 | - | 0.73 | 0.69 | 0.62 | 0.73 | 0.62 | 0.67 | 0.77 | 0.58 |
| 324 | 0.54 | 0.78 | 0.73 | 0.69 | 0.69 | 0.65 | 0.37 | 0.29 | 0.40 | 0.50 | 0.34 | 0.47 | 0.57 | 0.31 | - | 0.46 | 0.64 | 0.67 | 0.64 | 0.60 | 0.62 | 0.60 |
| 327 | 0.29 | 0.54 | 0.37 | 0.34 | 0.61 | 0.37 | 0.44 | 0.69 | 0.23 | 0.26 | 0.47 | 0.54 | 0.31 | 0.37 | 0.78 | - | 0.56 | 0.67 | 0.56 | 0.60 | 0.62 | 0.56 |
| 329 | 0.44 | 0.57 | 0.69 | 0.44 | 0.65 | 0.47 | 0.34 | 0.50 | 0.50 | 0.47 | 0.37 | 0.26 | 0.47 | 0.47 | 0.44 | 0.57 | - | 0.64 | 0.62 | 0.71 | 0.64 | 0.46 |
| 330 | 0.34 | 0.47 | 0.50 | 0.40 | 0.29 | 0.37 | 0.31 | 0.34 | 0.34 | 0.37 | 0.40 | 0.54 | 0.65 | 0.31 | 0.40 | 0.40 | 0.44 | - | 0.73 | 0.77 | 0.71 | 0.48 |
| 331 | 0.57 | 0.44 | 0.61 | 0.50 | 0.37 | 0.47 | 0.40 | 0.37 | 0.44 | 0.54 | 0.57 | 0.50 | 0.54 | 0.47 | 0.44 | 0.57 | 0.47 | 0.31 | - | 0.62 | 0.73 | 0.54 |
| 332 | 0.26 | 0.57 | 0.69 | 0.16 | 0.37 | 0.34 | 0.23 | 0.44 | 0.44 | 0.23 | 0.31 | 0.26 | 0.47 | 0.40 | 0.50 | 0.50 | 0.34 | 0.26 | 0.47 | - | 0.73 | 0.62 |
| 333 | 0.29 | 0.69 | 0.65 | 0.29 | 0.47 | 0.37 | 0.31 | 0.34 | 0.61 | 0.31 | 0.18 | 0.40 | 0.37 | 0.26 | 0.47 | 0.47 | 0.44 | 0.34 | 0.31 | 0.31 | - | 0.48 |
| 334 | 0.57 | 0.73 | 0.54 | 0.57 | 0.83 | 0.54 | 0.61 | 0.57 | 0.44 | 0.47 | 0.57 | 0.65 | 0.40 | 0.54 | 0.50 | 0.57 | 0.78 | 0.73 | 0.61 | 0.47 | 0.73 | - |

En la Figura 5 se muestra el agrupamiento obtenido para los 23 materiales de jitomate tipo bola determinado (serie 400) evaluados. A una distancia de 0.70 se forman cinco grupos,

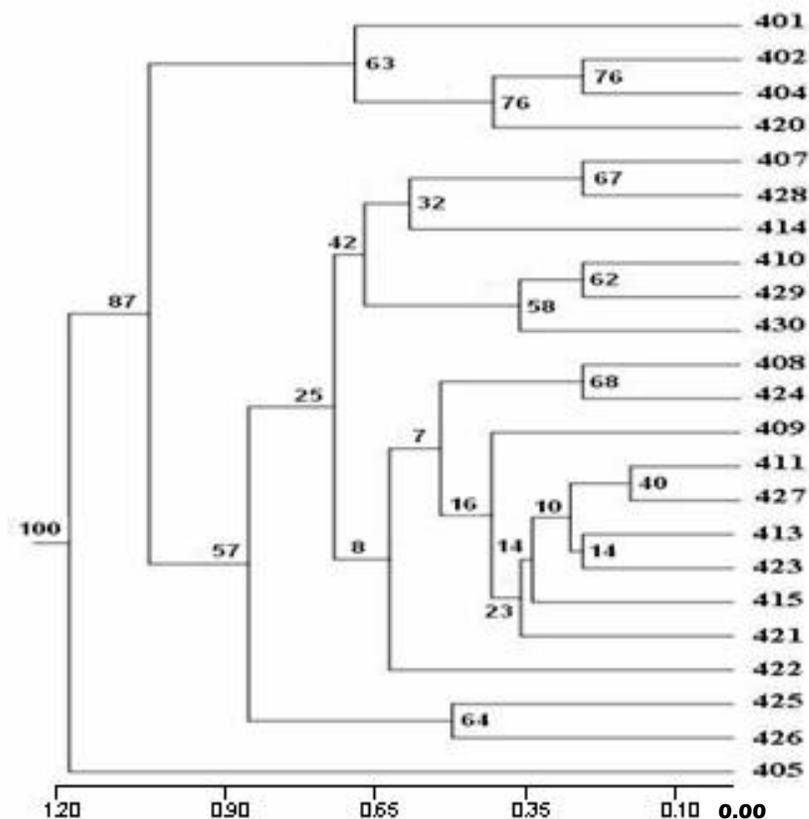


FIGURA 5. Dendrograma de 23 genotipos de jitomate tipo bola determinado generado mediante 1000 remuestros y utilizando la distancia de Nei (1978).

donde el más numeroso de los cuales agrupa a 10 materiales, entre los que se encuentran los genotipos genéticamente más cercanos dentro de este grupo, los cuales fueron 411 (Vilmorin) y 427 (Monte Verde), con una identidad genética de 0.89 (Cuadro 10), mientras que el genotipo más distante fue 405 (Chiro). La mayor distancia genética entre pares de genotipos (1.16) se encontró entre 420 (Nema 1400) x 426 (Zaden), por lo que se espera que el cruzamiento entre estos dos progenitores exhiba altos niveles de heterosis. Otro par de progenitores potenciales para la obtención de descendencia heterótica podría ser los

materiales 401 (Sun Master) y 405 (Chiro), y 402 (Floradade) y 426 (Zaden), los cuales presentaron distancias genéticas entre ellos de 1.10 y 1.04, respectivamente (Cuadro 7).

De acuerdo con los resultados obtenidos, en el Cuadro 7 se presentan los progenitores potenciales con mayor distancia genética entre ellos, sugeridos para la obtención de progenies heteróticas dentro de cada tipo de jitomate.

CUADRO 7. Progenitores potenciales de híbridos de jitomate, de acuerdo a la distancia genética de Nei (1978) estimada a partir de marcadores tipo RAPD.

| Tipo de jitomate | Progenitores Seleccionados | Distancia Genética |
|--------------------------------------|---------------------------------------|---------------------------|
| Fruto Bola, Hábito Determinado | 126 (Terrifie Ufn) x 132 (Tropic) | 1.04 |
| | 126 (Terrifie Ufn) x 107 (Compadre) | 0.93 |
| | 126 (Terrifie Ufn) x 135 (Round Beef) | 0.93 |
| | 132 (Tropic) x 115 (Lemon Boy) | 0.93 |
| | 132 (Tropic) x 129 (Haysli) | 0.93 |
| | 138 (Psr 01512626) x 131 (W 4041) | 0.93 |
| | 138 (Psr 01512626) x 133 (Ps 151052) | 0.93 |
| Fruto Saladete, Hábito Indeterminado | 214 (Coynac) x 203 (Santa Cruz Kada) | 0.93 |
| | 214 (Coynac) x 213 (Psx 5712) | 0.78 |
| Fruto Saladete, Hábito Determinado | 306 (Zuley) x 334 (Cortez) | 0.83 |
| | 306 (Zuley) x 318 (851021) | 0.83 |
| Fruto Bola, Hábito Indeterminado | 426 (Zaden) x 420 (Nema 1400) | 1.16 |
| | 426 (Zaden) x 402 (Floradade) | 1.04 |
| | 401 (Sun Master) x 405 (Chiro) | 1.10 |

6.2 Análisis de poblaciones para los grupos estudiados.

Para evaluar la diversidad genética intra e interpoblacional, se utilizó el paquete Popgene versión 1.32 (Yeh y Boyle, 1999). El porcentaje de *loci* polimórficos (P) entre poblaciones fue de 64% (Cuadro 8), mientras que dentro de poblaciones las colectas de jitomate tipo bola y hábito indeterminado (BI) presentaron el mayor polimorfismo (51 %), lo cual coincidió con las mayores distancias de Nei encontradas en promedio para estos materiales

(Cuadro 8), mientras que los genotipos saladete indeterminados presentaron el menor grado de polimorfismo. Es probable que en estos resultados haya influido el hecho de que dentro de este grupo sólo se evaluaron nueve genotipos distintos, mientras que para BI de consideraron 33. El número efectivo de alelos por *locus* (Ae) fue muy similar para las cuatro poblaciones. De igual manera, los valores obtenidos para el coeficiente de diversidad genética de Shannon (S) reflejan que la importancia relativa de cada una de las poblaciones fue similar.

Cuadro 8. Diversidad genética dentro y entre grupos de jitomate con distinto tipo de fruto y hábito de crecimiento.

| Tipo | P(%) | A | Ae | S | H | Gst | Nm | NI |
|-------------------|------|-----------------|-----------------|------------------|------------------|--------|-------|----|
| BI | 51 | 1.51 (0.501) | 1.12 (0.204) | 0.147 (0.190) | 0.085 (0.124) | | | 33 |
| SI | 35 | 1.33 (0.471) | 1.09 (0.205) | 0.113 (0.186) | 0.067 (0.121) | | | 9 |
| SD | 46 | 1.45 (0.499) | 1.13 (0.225) | 0.151 (0.203) | 0.089 (0.133) | | | 22 |
| BD | 47 | 1.47 (0.500) | 1.13 (0.229) | 0.155 (0.205) | 0.093 (0.135) | | | 23 |
| Entre poblaciones | 64 | 1.54 (0.500) | 1.12 (0.211) | 0.152 (0.193) | 0.088 (0.126) | 0.0229 | 21.31 | |

P = Porcentaje de *loci* polimórficos, A = número de alelos por *locus*, Ae = número efectivo de alelos por *locus*, S = coeficiente de diversidad de Shannon, H = coeficiente de diversidad genética intrapoblacional de Nei (1973), Gst = coeficiente de diferenciación genética entre poblaciones, Nm = grado de flujo genético, NI = número de individuos analizados. Los valores entre paréntesis indican la desviación estándar.

El coeficiente de diversidad genética intrapoblacional de Nei (H) presentó en general valores muy bajos para los cuatro grupos de materiales evaluados, sugiriendo un alto grado de homocigosis dentro y entre poblaciones. No obstante, los genotipos BD tendieron a ser genéticamente más divergentes entre sí, en comparación al resto de los grupos.

De manera similar, el coeficiente de diferenciación genética entre poblaciones fue muy bajo ($G_{st} = 0.0229$), lo cual apunta a que las poblaciones evaluadas están poco diferenciadas entre sí (Hart y Clark, 1997), lo cual podría deberse a que muchos de los materiales evaluados son comerciales, señalando una reducida variabilidad genética en los genotipos utilizados como fuentes de germoplasma inicial.

El nivel promedio de flujo genético obtenido, número absoluto de individuos intercambiados entre poblaciones por generación ($N_m = 21.31$) fue alto, sugiriendo un alto grado de introgresión entre los cuatro grupos de materiales evaluados.

CUADRO 9 Matriz de identidad genética (arriba de la diagonal) y distancia genética (debajo de la diagonal) de Nei (1978) para genotipos de jitomate tipo bola indeterminado.

| Var | 101 | 102 | 103 | 104 | 105 | 106 | 107 | 108 | 110 | 111 | 112 | 113 | 114 | 115 | 117 | 119 | 121 | 123 | 126 | 127 | 128 | 129 | 130 | 131 | 132 | 133 | 134 | 135 | 136 | 137 | 138 | 139 | 140 |
|-----|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 101 | - | 0.69 | 0.52 | 0.69 | 0.67 | 0.69 | 0.79 | 0.67 | 0.79 | 0.62 | 0.75 | 0.73 | 0.64 | 0.60 | 0.77 | 0.69 | 0.60 | 0.89 | 0.48 | 0.75 | 0.71 | 0.64 | 0.79 | 0.69 | 0.75 | 0.69 | 0.64 | 0.79 | 0.73 | 0.73 | 0.54 | 0.94 | 0.83 |
| 102 | 0.37 | - | 0.58 | 0.58 | 0.64 | 0.62 | 0.60 | 0.73 | 0.73 | 0.77 | 0.69 | 0.58 | 0.67 | 0.58 | 0.67 | 0.71 | 0.71 | 0.67 | 0.54 | 0.73 | 0.81 | 0.54 | 0.77 | 0.83 | 0.64 | 0.71 | 0.71 | 0.60 | 0.62 | 0.71 | 0.52 | 0.71 | 0.77 |
| 103 | 0.65 | 0.54 | - | 0.58 | 0.73 | 0.54 | 0.52 | 0.44 | 0.64 | 0.60 | 0.64 | 0.75 | 0.58 | 0.71 | 0.58 | 0.71 | 0.54 | 0.54 | 0.58 | 0.64 | 0.52 | 0.79 | 0.52 | 0.54 | 0.48 | 0.71 | 0.54 | 0.60 | 0.46 | 0.62 | 0.48 | 0.50 | 0.44 |
| 104 | 0.37 | 0.54 | 0.54 | - | 0.44 | 0.71 | 0.56 | 0.52 | 0.56 | 0.52 | 0.81 | 0.58 | 0.67 | 0.46 | 0.62 | 0.50 | 0.50 | 0.71 | 0.42 | 0.60 | 0.48 | 0.54 | 0.56 | 0.46 | 0.56 | 0.50 | 0.54 | 0.56 | 0.62 | 0.58 | 0.56 | 0.62 | 0.60 |
| 105 | 0.40 | 0.44 | 0.31 | 0.83 | - | 0.52 | 0.58 | 0.62 | 0.79 | 0.67 | 0.50 | 0.73 | 0.60 | 0.73 | 0.69 | 0.73 | 0.64 | 0.60 | 0.73 | 0.67 | 0.75 | 0.69 | 0.67 | 0.73 | 0.54 | 0.81 | 0.56 | 0.67 | 0.64 | 0.77 | 0.46 | 0.64 | 0.62 |
| 106 | 0.37 | 0.47 | 0.61 | 0.34 | 0.65 | - | 0.60 | 0.56 | 0.64 | 0.60 | 0.73 | 0.62 | 0.58 | 0.42 | 0.71 | 0.58 | 0.62 | 0.71 | 0.54 | 0.60 | 0.60 | 0.62 | 0.64 | 0.58 | 0.60 | 0.62 | 0.67 | 0.60 | 0.62 | 0.62 | 0.56 | 0.67 | 0.73 |
| 107 | 0.23 | 0.50 | 0.65 | 0.57 | 0.54 | 0.50 | - | 0.58 | 0.62 | 0.50 | 0.62 | 0.60 | 0.48 | 0.52 | 0.60 | 0.56 | 0.52 | 0.69 | 0.39 | 0.58 | 0.62 | 0.52 | 0.75 | 0.56 | 0.67 | 0.60 | 0.52 | 0.83 | 0.73 | 0.64 | 0.46 | 0.81 | 0.75 |
| 108 | 0.40 | 0.31 | 0.83 | 0.65 | 0.47 | 0.57 | 0.54 | - | 0.71 | 0.71 | 0.58 | 0.60 | 0.48 | 0.64 | 0.69 | 0.64 | 0.64 | 0.64 | 0.56 | 0.62 | 0.79 | 0.48 | 0.79 | 0.73 | 0.54 | 0.60 | 0.48 | 0.62 | 0.73 | 0.69 | 0.37 | 0.73 | 0.75 |
| 110 | 0.23 | 0.31 | 0.44 | 0.57 | 0.23 | 0.44 | 0.47 | 0.34 | - | 0.79 | 0.67 | 0.69 | 0.69 | 0.64 | 0.77 | 0.85 | 0.81 | 0.73 | 0.64 | 0.79 | 0.87 | 0.60 | 0.75 | 0.85 | 0.62 | 0.85 | 0.64 | 0.71 | 0.77 | 0.89 | 0.54 | 0.77 | 0.75 |
| 111 | 0.47 | 0.26 | 0.50 | 0.65 | 0.40 | 0.50 | 0.69 | 0.34 | 0.23 | - | 0.58 | 0.60 | 0.60 | 0.52 | 0.69 | 0.85 | 0.81 | 0.60 | 0.56 | 0.67 | 0.79 | 0.52 | 0.67 | 0.81 | 0.58 | 0.73 | 0.64 | 0.58 | 0.64 | 0.77 | 0.58 | 0.64 | 0.75 |
| 112 | 0.29 | 0.37 | 0.44 | 0.21 | 0.69 | 0.31 | 0.47 | 0.54 | 0.40 | 0.54 | - | 0.69 | 0.77 | 0.52 | 0.73 | 0.64 | 0.60 | 0.77 | 0.52 | 0.67 | 0.58 | 0.56 | 0.71 | 0.60 | 0.71 | 0.64 | 0.64 | 0.67 | 0.69 | 0.64 | 0.54 | 0.73 | 0.62 |
| 113 | 0.31 | 0.54 | 0.29 | 0.54 | 0.31 | 0.47 | 0.50 | 0.50 | 0.37 | 0.50 | 0.37 | - | 0.62 | 0.67 | 0.85 | 0.75 | 0.54 | 0.67 | 0.58 | 0.56 | 0.56 | 0.79 | 0.69 | 0.58 | 0.56 | 0.58 | 0.50 | 0.69 | 0.67 | 0.70 | 0.52 | 0.71 | 0.64 |
| 114 | 0.44 | 0.40 | 0.54 | 0.40 | 0.50 | 0.54 | 0.73 | 0.73 | 0.37 | 0.50 | 0.26 | 0.47 | - | 0.58 | 0.54 | 0.62 | 0.58 | 0.58 | 0.60 | 0.60 | 0.54 | 0.56 | 0.62 | 0.60 | 0.58 | 0.58 | 0.52 | 0.58 | 0.67 | 0.77 | 0.62 | 0.52 | 0.52 |
| 115 | 0.50 | 0.54 | 0.34 | 0.78 | 0.31 | 0.87 | 0.65 | 0.44 | 0.44 | 0.65 | 0.65 | 0.40 | 0.54 | - | 0.50 | 0.58 | 0.45 | 0.54 | 0.67 | 0.60 | 0.52 | 0.71 | 0.52 | 0.54 | 0.39 | 0.62 | 0.42 | 0.60 | 0.50 | 0.58 | 0.44 | 0.62 | 0.52 |
| 117 | 0.26 | 0.40 | 0.54 | 0.47 | 0.37 | 0.34 | 0.50 | 0.37 | 0.26 | 0.37 | 0.31 | 0.47 | 0.61 | 0.69 | - | 0.71 | 0.71 | 0.79 | 0.58 | 0.81 | 0.73 | 0.54 | 0.77 | 0.71 | 0.73 | 0.79 | 0.75 | 0.69 | 0.71 | 0.71 | 0.44 | 0.75 | 0.73 |
| 119 | 0.37 | 0.34 | 0.34 | 0.69 | 0.31 | 0.54 | 0.57 | 0.44 | 0.16 | 0.16 | 0.44 | 0.29 | 0.47 | 0.54 | 0.34 | - | 0.79 | 0.67 | 0.62 | 0.69 | 0.77 | 0.62 | 0.73 | 0.83 | 0.60 | 0.83 | 0.62 | 0.69 | 0.67 | 0.83 | 0.52 | 0.67 | 0.69 |
| 121 | 0.50 | 0.34 | 0.61 | 0.69 | 0.44 | 0.47 | 0.65 | 0.44 | 0.21 | 0.21 | 0.50 | 0.61 | 0.54 | 0.78 | 0.34 | 0.23 | - | 0.54 | 0.54 | 0.73 | 0.81 | 0.42 | 0.73 | 0.87 | 0.69 | 0.75 | 0.75 | 0.56 | 0.67 | 0.75 | 0.48 | 0.58 | 0.73 |
| 123 | 0.11 | 0.40 | 0.61 | 0.34 | 0.50 | 0.34 | 0.37 | 0.44 | 0.31 | 0.50 | 0.26 | 0.40 | 0.54 | 0.61 | 0.23 | 0.40 | 0.61 | - | 0.50 | 0.73 | 0.64 | 0.67 | 0.69 | 0.62 | 0.69 | 0.71 | 0.67 | 0.77 | 0.67 | 0.71 | 0.52 | 0.83 | 0.73 |
| 126 | 0.73 | 0.61 | 0.54 | 0.87 | 0.31 | 0.61 | 0.93 | 0.57 | 0.44 | 0.57 | 0.65 | 0.54 | 0.54 | 0.40 | 0.54 | 0.47 | 0.61 | 0.69 | - | 0.56 | 0.60 | 0.58 | 0.52 | 0.62 | 0.35 | 0.71 | 0.50 | 0.39 | 0.58 | 0.58 | 0.48 | 0.54 | 0.52 |
| 127 | 0.29 | 0.31 | 0.44 | 0.50 | 0.40 | 0.50 | 0.54 | 0.47 | 0.23 | 0.40 | 0.40 | 0.57 | 0.50 | 0.50 | 0.21 | 0.37 | 0.31 | 0.31 | 0.57 | - | 0.75 | 0.64 | 0.71 | 0.73 | 0.62 | 0.77 | 0.73 | 0.62 | 0.64 | 0.73 | 0.50 | 0.69 | 0.67 |
| 128 | 0.34 | 0.21 | 0.65 | 0.73 | 0.29 | 0.50 | 0.47 | 0.23 | 0.13 | 0.23 | 0.54 | 0.57 | 0.50 | 0.65 | 0.31 | 0.26 | 0.21 | 0.44 | 0.50 | 0.29 | - | 0.48 | 0.87 | 0.89 | 0.62 | 0.77 | 0.64 | 0.62 | 0.73 | 0.81 | 0.50 | 0.69 | 0.75 |
| 129 | 0.44 | 0.61 | 0.23 | 0.61 | 0.37 | 0.47 | 0.65 | 0.73 | 0.50 | 0.65 | 0.57 | 0.23 | 0.61 | 0.34 | 0.61 | 0.47 | 0.87 | 0.40 | 0.54 | 0.44 | 0.73 | - | 0.48 | 0.50 | 0.39 | 0.62 | 0.50 | 0.56 | 0.46 | 0.58 | 0.48 | 0.58 | 0.52 |
| 130 | 0.23 | 0.26 | 0.65 | 0.57 | 0.40 | 0.44 | 0.29 | 0.23 | 0.29 | 0.40 | 0.34 | 0.37 | 0.57 | 0.65 | 0.26 | 0.31 | 0.31 | 0.37 | 0.65 | 0.34 | 0.13 | 0.73 | - | 0.81 | 0.71 | 0.69 | 0.64 | 0.75 | 0.77 | 0.73 | 0.42 | 0.77 | 0.79 |
| 131 | 0.37 | 0.18 | 0.61 | 0.78 | 0.31 | 0.54 | 0.57 | 0.31 | 0.16 | 0.21 | 0.50 | 0.54 | 0.47 | 0.61 | 0.34 | 0.18 | 0.13 | 0.47 | 0.47 | 0.31 | 0.11 | 0.69 | 0.21 | - | 0.60 | 0.83 | 0.67 | 0.60 | 0.67 | 0.75 | 0.39 | 0.67 | 0.77 |
| 132 | 0.29 | 0.44 | 0.73 | 0.57 | 0.61 | 0.50 | 0.40 | 0.61 | 0.47 | 0.54 | 0.34 | 0.57 | 0.50 | 0.93 | 0.31 | 0.50 | 0.37 | 0.37 | 1.04 | 0.47 | 0.47 | 0.93 | 0.34 | 0.50 | - | 0.56 | 0.81 | 0.71 | 0.56 | 0.60 | 0.58 | 0.73 | 0.67 |
| 133 | 0.37 | 0.34 | 0.34 | 0.69 | 0.21 | 0.47 | 0.50 | 0.50 | 0.16 | 0.31 | 0.44 | 0.54 | 0.54 | 0.47 | 0.23 | 0.18 | 0.29 | 0.34 | 0.34 | 0.26 | 0.26 | 0.47 | 0.37 | 0.18 | 0.57 | - | 0.67 | 0.69 | 0.62 | 0.75 | 0.39 | 0.67 | 0.69 |
| 134 | 0.44 | 0.34 | 0.61 | 0.61 | 0.57 | 0.40 | 0.65 | 0.73 | 0.44 | 0.44 | 0.44 | 0.69 | 0.54 | 0.87 | 0.29 | 0.47 | 0.29 | 0.40 | 0.69 | 0.31 | 0.44 | 0.69 | 0.44 | 0.40 | 0.21 | 0.40 | - | 0.60 | 0.50 | 0.62 | 0.56 | 0.62 | 0.64 |
| 135 | 0.23 | 0.50 | 0.50 | 0.57 | 0.40 | 0.50 | 0.18 | 0.47 | 0.34 | 0.54 | 0.40 | 0.37 | 0.65 | 0.50 | 0.37 | 0.37 | 0.57 | 0.26 | 0.93 | 0.47 | 0.47 | 0.57 | 0.29 | 0.50 | 0.34 | 0.37 | 0.50 | - | 0.73 | 0.77 | 0.46 | 0.77 | 0.71 |
| 136 | 0.31 | 0.47 | 0.78 | 0.47 | 0.44 | 0.47 | 0.31 | 0.31 | 0.26 | 0.44 | 0.37 | 0.40 | 0.54 | 0.69 | 0.34 | 0.40 | 0.40 | 0.40 | 0.54 | 0.44 | 0.31 | 0.78 | 0.26 | 0.40 | 0.57 | 0.47 | 0.69 | 0.31 | - | 0.83 | 0.52 | 0.75 | 0.77 |
| 137 | 0.31 | 0.34 | 0.47 | 0.54 | 0.26 | 0.47 | 0.44 | 0.37 | 0.11 | 0.26 | 0.44 | 0.34 | 0.40 | 0.54 | 0.34 | 0.18 | 0.29 | 0.34 | 0.54 | 0.31 | 0.21 | 0.54 | 0.31 | 0.29 | 0.50 | 0.29 | 0.47 | 0.26 | 0.18 | - | 0.56 | 0.71 | 0.69 |
| 138 | 0.61 | 0.65 | 0.73 | 0.57 | 0.78 | 0.57 | 0.78 | 0.98 | 0.61 | 0.54 | 0.61 | 0.65 | 0.26 | 0.83 | 0.83 | 0.65 | 0.73 | 0.69 | 0.69 | 0.69 | 0.73 | 0.87 | 0.93 | 0.54 | 0.93 | 0.57 | 0.78 | 0.65 | 0.57 | - | 0.56 | 0.50 | 0.50 |
| 139 | 0.06 | 0.34 | 0.69 | 0.47 | 0.44 | 0.40 | 0.21 | 0.31 | 0.26 | 0.44 | 0.31 | 0.34 | 0.47 | 0.47 | 0.29 | 0.40 | 0.54 | 0.18 | 0.61 | 0.37 | 0.37 | 0.54 | 0.26 | 0.40 | 0.31 | 0.40 | 0.47 | 0.26 | 0.29 | 0.34 | 0.57 | - | 0.85 |
| 140 | 0.18 | 0.26 | 0.83 | 0.50 | 0.47 | 0.31 | 0.29 | 0.29 | 0.29 | 0.29 | 0.47 | 0.44 | 0.65 | 0.65 | 0.31 | 0.37 | 0.31 | 0.31 | 0.65 | 0.40 | 0.29 | 0.65 | 0.23 | 0.26 | 0.40 | 0.37 | 0.44 | 0.34 | 0.26 | 0.37 | 0.69 | 0.16 | - |

Var= variedades

CUADRO 10. Matriz de identidad genética (arriba de la diagonal) y distancia genética (debajo de la diagonal) de Nei (1978) para genotipos de jitomate tipo bola determinado.

| variedades | 401 | 402 | 404 | 405 | 407 | 408 | 409 | 410 | 411 | 413 | 414 | 415 | 420 | 421 | 422 | 423 | 424 | 425 | 426 | 427 | 428 | 429 | 430 |
|------------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|------|
| 401 | - | 0.69 | 0.67 | 0.33 | 0.67 | 0.52 | 0.50 | 0.60 | 0.48 | 0.60 | 0.64 | 0.60 | 0.69 | 0.58 | 0.52 | 0.54 | 0.46 | 0.42 | 0.42 | 0.54 | 0.69 | 0.46 | 0.56 |
| 402 | 0.37 | - | 0.85 | 0.48 | 0.64 | 0.58 | 0.60 | 0.67 | 0.58 | 0.58 | 0.62 | 0.67 | 0.79 | 0.69 | 0.46 | 0.64 | 0.52 | 0.39 | 0.35 | 0.60 | 0.54 | 0.56 | 0.62 |
| 404 | 0.40 | 0.16 | - | 0.50 | 0.75 | 0.69 | 0.58 | 0.69 | 0.64 | 0.56 | 0.64 | 0.69 | 0.77 | 0.75 | 0.56 | 0.67 | 0.58 | 0.46 | 0.46 | 0.62 | 0.60 | 0.58 | 0.60 |
| 405 | 1.10 | 0.73 | 0.69 | - | 0.42 | 0.56 | 0.50 | 0.52 | 0.60 | 0.56 | 0.44 | 0.56 | 0.52 | 0.62 | 0.39 | 0.58 | 0.58 | 0.62 | 0.58 | 0.58 | 0.44 | 0.50 | 0.48 |
| 407 | 0.40 | 0.44 | 0.29 | 0.87 | - | 0.77 | 0.67 | 0.77 | 0.73 | 0.77 | 0.73 | 0.81 | 0.69 | 0.79 | 0.64 | 0.67 | 0.67 | 0.58 | 0.54 | 0.75 | 0.85 | 0.62 | 0.73 |
| 408 | 0.65 | 0.54 | 0.37 | 0.57 | 0.26 | - | 0.73 | 0.75 | 0.79 | 0.75 | 0.67 | 0.75 | 0.54 | 0.81 | 0.75 | 0.77 | 0.85 | 0.69 | 0.60 | 0.81 | 0.71 | 0.69 | 0.79 |
| 409 | 0.69 | 0.50 | 0.54 | 0.69 | 0.40 | 0.31 | - | 0.64 | 0.77 | 0.77 | 0.73 | 0.73 | 0.52 | 0.79 | 0.69 | 0.75 | 0.67 | 0.58 | 0.62 | 0.87 | 0.60 | 0.62 | 0.64 |
| 410 | 0.50 | 0.40 | 0.37 | 0.65 | 0.26 | 0.29 | 0.44 | - | 0.69 | 0.62 | 0.75 | 0.75 | 0.50 | 0.73 | 0.62 | 0.60 | 0.64 | 0.56 | 0.56 | 0.69 | 0.67 | 0.85 | 0.79 |
| 411 | 0.73 | 0.54 | 0.44 | 0.50 | 0.31 | 0.23 | 0.26 | 0.40 | - | 0.83 | 0.58 | 0.79 | 0.50 | 0.81 | 0.75 | 0.85 | 0.77 | 0.73 | 0.69 | 0.89 | 0.62 | 0.60 | 0.71 |
| 413 | 0.50 | 0.54 | 0.57 | 0.57 | 0.26 | 0.29 | 0.26 | 0.47 | 0.18 | - | 0.62 | 0.83 | 0.58 | 0.77 | 0.75 | 0.85 | 0.69 | 0.69 | 0.64 | 0.85 | 0.71 | 0.56 | 0.67 |
| 414 | 0.44 | 0.47 | 0.44 | 0.83 | 0.31 | 0.40 | 0.32 | 0.29 | 0.54 | 0.47 | - | 0.71 | 0.50 | 0.69 | 0.58 | 0.56 | 0.56 | 0.44 | 0.52 | 0.69 | 0.71 | 0.69 | 0.71 |
| 415 | 0.50 | 0.40 | 0.37 | 0.57 | 0.21 | 0.29 | 0.32 | 0.29 | 0.23 | 0.18 | 0.34 | - | 0.54 | 0.77 | 0.67 | 0.81 | 0.73 | 0.69 | 0.64 | 0.81 | 0.79 | 0.64 | 0.75 |
| 420 | 0.37 | 0.23 | 0.26 | 0.65 | 0.37 | 0.61 | 0.65 | 0.69 | 0.69 | 0.54 | 0.69 | 0.61 | - | 0.64 | 0.46 | 0.56 | 0.44 | 0.44 | 0.31 | 0.52 | 0.58 | 0.39 | 0.46 |
| 421 | 0.54 | 0.37 | 0.29 | 0.47 | 0.23 | 0.21 | 0.23 | 0.31 | 0.21 | 0.26 | 0.37 | 0.26 | 0.44 | - | 0.64 | 0.79 | 0.71 | 0.67 | 0.54 | 0.87 | 0.69 | 0.62 | 0.69 |
| 422 | 0.65 | 0.78 | 0.57 | 0.93 | 0.44 | 0.29 | 0.37 | 0.47 | 0.29 | 0.29 | 0.54 | 0.40 | 0.78 | 0.44 | - | 0.77 | 0.64 | 0.64 | 0.69 | 0.69 | 0.54 | 0.56 | 0.62 |
| 423 | 0.61 | 0.44 | 0.40 | 0.54 | 0.40 | 0.26 | 0.29 | 0.50 | 0.16 | 0.16 | 0.57 | 0.21 | 0.57 | 0.23 | 0.26 | - | 0.67 | 0.67 | 0.67 | 0.83 | 0.60 | 0.54 | 0.64 |
| 424 | 0.78 | 0.65 | 0.54 | 0.54 | 0.40 | 0.16 | 0.40 | 0.44 | 0.26 | 0.37 | 0.57 | 0.31 | 0.83 | 0.34 | 0.44 | 0.40 | - | 0.71 | 0.62 | 0.75 | 0.69 | 0.67 | 0.77 |
| 425 | 0.87 | 0.93 | 0.78 | 0.47 | 0.54 | 0.37 | 0.54 | 0.57 | 0.31 | 0.37 | 0.83 | 0.37 | 0.83 | 0.40 | 0.44 | 0.40 | 0.34 | - | 0.75 | 0.67 | 0.56 | 0.58 | 0.60 |
| 426 | 0.87 | 1.04 | 0.78 | 0.54 | 0.61 | 0.50 | 0.47 | 0.57 | 0.37 | 0.44 | 0.65 | 0.44 | 1.16 | 0.61 | 0.37 | 0.40 | 0.47 | 0.29 | - | 0.62 | 0.48 | 0.58 | 0.60 |
| 427 | 0.61 | 0.50 | 0.47 | 0.54 | 0.29 | 0.21 | 0.13 | 0.37 | 0.11 | 0.16 | 0.37 | 0.21 | 0.65 | 0.13 | 0.37 | 0.18 | 0.29 | 0.40 | 0.47 | - | 0.69 | 0.62 | 0.73 |
| 428 | 0.37 | 0.61 | 0.50 | 0.83 | 0.16 | 0.34 | 0.50 | 0.40 | 0.47 | 0.34 | 0.34 | 0.23 | 0.54 | 0.37 | 0.61 | 0.50 | 0.37 | 0.57 | 0.73 | 0.37 | - | 0.56 | 0.71 |
| 429 | 0.78 | 0.57 | 0.54 | 0.69 | 0.47 | 0.37 | 0.47 | 0.16 | 0.50 | 0.57 | 0.37 | 0.44 | 0.93 | 0.47 | 0.57 | 0.61 | 0.40 | 0.54 | 0.54 | 0.47 | 0.57 | - | 0.81 |
| 430 | 0.57 | 0.47 | 0.50 | 0.73 | 0.31 | 0.23 | 0.44 | 0.23 | 0.34 | 0.40 | 0.34 | 0.29 | 0.78 | 0.37 | 0.47 | 0.44 | 0.26 | 0.50 | 0.50 | 0.31 | 0.34 | 0.21 | - |

VII. CONCLUSIONES

Los materiales comerciales de jitomate (*Lycopersicon esculentum* L.) mostraron muy poca variabilidad genética entre ellos, lo cual se manifestó en el presente estudio a través de marcadores RAPDs.

Los RAPDs realmente no fueron útiles para determinar diferencias genéticas, al no presentar variabilidad entre los materiales que se analizaron.

Esto se debió a que los materiales que se evaluaron son muy parecidos entre si, además de que no se compararon con otros materiales nativos y/o criollos de otras regiones.

VIII. LITERATURA CITADA

- Archak, S., J. L. Karihaloo, A. Jain. 2002. RAPD markers reveal narrowing genetic base of Indian tomato cultivars. *Current Science* 82: 1139-1143.
- Bartkaite, O. 2001. Evaluation of tomato heterosis expression. *Scientific Works. Horticulture and Vegetable Growing. Lithuanian Institute of Horticulture. Babtai, Kaunas district. Lithuania.* [http://www.Isdi.lt/t20\(2\)_eng6.htm](http://www.Isdi.lt/t20(2)_eng6.htm). Mayo, 2004.
- Cheluca A., J. S., S. Ayvar, J. A. Durán R., A. Alcántara J., A. de la Sancha S, E. Bravo H. 2003. Adaptación de genotipos de jitomate en cultivo tecnificado. X Congreso Nacional de la Sociedad Mexicana de Ciencias Hortícolas, IX Congreso Nacional y II Congreso Internacional de Horticultura Ornamental. 20 al 24 de octubre. Chapingo. Méx.
- De La Cruz, M., F. Ramírez, H. Hernández. 1997. DNA isolation and amplification from cacti. *Plant Molecular Biology Reporter* 15: 319-325.
- De Vicente, M. C., S. D. Tanksley. 1993. QTL analysis of transgressive segregation in an interspecific tomato cross. *Genetics* 134: 585-589.
- Eigenbrode, S. D., J. T. Trumble. 1994. Plant resistance to insects in integrated pest management in vegetables. *Journal of Agricultural Entomology* 11: 201-224.
- Foolad, M. R., R. A. Jones, R. L. Rodríguez. 1993. RAPD markers for constructing intraspecific tomato genetic maps. *Plant Cell Reports* 12: 293-297.
- García G., M., S. García M., J. J. Ruiz M. 2007. Estudio de la variabilidad genética en tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) mediante SNPs y dCAPs. IX Congreso Nacional de Ciencias Hortícolas. 24-27 de abril. Albacete, España.
- González I., A. 1991. El jitomate: aspectos relevantes para su cultivo en México. Tesis de licenciatura. Depto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. México. 90 p.
- Hampl, V., A. Pavlicek, J. Flegr. 2001. Construction and bootstrap analysis of DNA fingerprinting-based phylogenetic trees with the freeware program Free Tree: application to trichomonal parasites. *International Journal of Systematic Evolutionary Microbiology* 51: 731-735.
- Hamrick, J. T., M. J. W. Godt. 1999. Allozyme diversity in cultivated crops. *Crop. Sci.* 37: 26-30.
- Hart, D. L., A. G. Clark. 1997. *Principles of Population Genetics*. 3th edition. Sinauer Associates, Inc. Publishers. E. U. pp. 542.

- Hernández V., S., A. González R., P. Sánchez P., A. Casas, K. Oyama. 2006. Estructura y diferenciación genética de poblaciones silvestres y domesticadas de chile del Noroeste de México analizada con isoenzimas y RAPDs. *Revista Fitotecnia Mexicana* 29: 25-29.
- Juárez L., G. F., F. Sánchez Del C., E. Contreras M. 2000. Efectos del manejo de esquejes sobre el rendimiento de jitomate (*Lycopersicon esculentum* Mill) en hidroponía. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 6: 19-23.
- Kannenberg, L. W., D. F. Falk. 1995. Models for activation of plant genetic resources for crop breeding programs. *Can. J. Plant Sci.* 75:46-53.
- Lynch, M., B. G. Milligan. 1994. Analysis of population genetic structure with RAPD markers. *Mol. Ecology* 3: 91-99.
- Martínez S., J., A. Peña L., J. E. Rodríguez P., C. Villanueva V. J. Sahún C., G. M. Peña O. 2004. Comportamiento productivo de híbridos de jitomate y sus respectivas F₂. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 11 (2): 299-307.
- Mukandama, J. P., B. Peteira, M. C. González. 2004. El empleo de marcadores RAPDs para el análisis de la variabilidad genética en genotipos de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Cultivos Tropicales* 25 (3): 63-66.
- Murray, M. G., W. F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight DNA. *Nucleic Acids Res.* 8: 4321-4325.
- Namesny V., A. 2004. *Tomate: Producción y Comercio*. Ed. Mundi-Prensa. Barcelona, España. pp. 11-23.
- Nei, M. 1978. Genetic distance between populations. *The American Naturalist* 106:283-292.
- Nienhius, J., J. Santos. 1994. Genetic distance among tomato cultivars as measured by RAPD molecular markers. *Act. Hort. (ISHS)* 376: 59-66.
- Nuez, F., J. M. Carrillo. 2000. *Los Marcadores Genéticos en la Mejora Vegetal*. Universidad Politécnica de Valencia. Valencia, España. Pp. 579.
- Nuez, F. 2001. *El Cultivo del Tomate*. Ed. Mundi-Prensa. Madrid, España. pp. 658-662.
- Page, R. D. M. 1996. Tree View: An application to display phylogenetic trees on personal computers. *Computer Applications in the Biosciences* 12: 357-358.
- Peteira, B., E. Fernández, M. González C., T. Shagarodzky, I. Miranda. 2001. Aplicación de Marcadores RAPD al estudio de la diversidad genética en variedades de tomate y especies salvajes relacionadas en Cuba. *Rev. Protección Veg.* 16(2-3):84-91.

- Pratta, G., E. M. Valle, R. Zorzoli, L. A. Picardi. 2001. Caracterización de genotipos de tomate (*Lycopersicon* spp.) a través de AFLP (amplified fragment length polymorphism). IV Encuentro Latinoamericano de Biotecnología Vegetal. Redbio. 4-8 de junio. Goiania, Brasil.
- Primieri, C. B. 2003. Estimativa de variabilidade genética em acessos crioulos e cultivares comerciais de tomates (*Lycopersicon esculentum* Mill.) do sul do Brasil e avaliação da presença do Gene Mi. Tesis de Maestría. Universidade Federal de São Carlos, Brasil. pp: 1-116.
- Radillo J., F., E. D. Rolón V. 2003. Adaptación y evaluación productiva de híbridos comerciales de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) bajo un sistema tecnificado. X Congreso Nacional de la Sociedad Mexicana de Ciencias Hortícolas, IX Congreso Nacional y II Congreso Internacional de Horticultura Ornamental. 20 al 24 de octubre. Chapingo, México.
- Sánchez A., C., E. Valadéz M., A. Carballo C., F. Castillo G. 2003. Diferenciación de dos líneas de tomate y su híbrido con marcadores moleculares. Revista Fitotecnia Mexicana 26 (1): 67-72.
- SAS. 1999. Statistical Analysis System. Versión 8. SAS Institute. North Carolina, U.S.A.
- Secretaria de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. 2010. Tomate Rojo (Jitomate). Sistema Integral de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). Estadística Básica Agrícola. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. <http://www.siap.sagarpa.gob.mx/> Consultada el 23 de agosto de 2010.
- Sneath, P. H. A., R. R. Sokal. 1973. Numerical taxonomy, the principles and practice of numerical classification. W. H. Freeman Ed. U. S. pp. 573.
- Villand, J., P. W. Skorch, T. Lai, P. Hanson, C. G. Kuo, J. Nienhius. 1998. Genetic variation among tomato accessions from primary and secondary centers of diversity. Crop. Sci. 38: 1339-13347.
- Williams, J. G. K., A. R. Kubelik, K. J. Livak, J. A. Rafalski, S. V. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. Nucleic Acids Res. 18: 6531-6535.
- Yeh, F. C., R. C. Yai; T. Boyle. 1999. Popgen version 1.31. Microsoft Windows-based Freeware for population genetic analysis. Quick user guide. Alberta, Canada. 28 p.