

SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) CON BASE EN PARÁMETROS GENÉTICOS PARA RENDIMIENTO Y RESISTENCIA A *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) (Sacc.) Snyder y Hansen

**ROSENDO HERNÁNDEZ MARTÍNEZ**

**TESIS**

*Presentada como Requisito Parcial para*

*Obtener el Grado de:*

**MAESTRO EN CIENCIAS  
EN FITOMEJORAMIENTO**



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA**

**“ANTONIO NARRO”**

*Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.*

*Marzo 2013*

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA "ANTONIO NARRO"  
SUBDIRECCIÓN DE POSTGRADO

SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) CON BASE EN  
PARÁMETROS GENÉTICOS PARA RENDIMIENTO Y RESISTENCIA A *Fusarium*  
*oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) (Sacc.) Snyder y Hansen

TESIS POR:

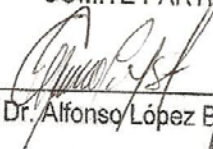
ROSENDO HERNÁNDEZ MARTÍNEZ

Tesis elaborada bajo la supervisión del Comité Particular de Asesoría y aprobada  
como requisito parcial para obtener el grado de:


MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

COMITÉ PARTICULAR

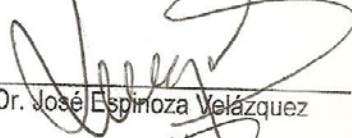
Asesor Principal

  
Dr. Alfonso López Benítez


Asesor

  
Dr. Fernando Borrego Escalante

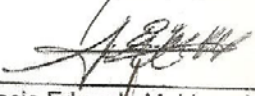
Asesor


  
Dr. José Espinoza Velázquez

Asesor

  
Dr. David Sánchez Aspeytia

Asesor

  
Dr. Ignacio Eduardo Maldonado Mendoza

  
Dr. Fernando Ruiz Zárate  
Subdirector de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, Marzo 2013

## AGRADECIMIENTOS

Primero a Dios, por inquietarme a estudiar la Maestría en Ciencias en Fitomejoramiento, por haberme dado la sabiduría y el entendimiento para poder culminar otra carrera más en mi vida, por proveerme de todo lo necesario para salir adelante y por todo lo que me ha dado. Gracias Dios por no abandonarme nunca y por estar presente en mi toma de decisiones especialmente en mis momentos más difíciles. A ti sea la honra por los siglos de los siglos Amen.

**A mi ALMA MATER:** Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro” (UAAAN) juntamente con el Departamento de Fitomejoramiento, por haberme brindado la oportunidad de realizar mis estudios de Maestría y por todos los momentos vividos durante mi estancia dentro de sus instalaciones.

Al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)**, por el apoyo económico y la confianza depositado hacia mi persona para la realización de mis estudios de Maestría.

Al **Dr. Alfonso López Benítez**, por darme su apoyo en la realización de este trabajo, por ser mi maestro, por haberme brindado su sincera amistad, su tiempo y su amplio conocimiento en diversas áreas de la ciencia. Alentándome siempre a una superación constante. Un Buen Maestro no es el que más sabe, si no el que mejor enseña!... Muchas Gracias...

Al **Dr. Fernando Borrego Escalante**, por el gran apoyo y la confianza que me brindo para poder llevar a cabo este trabajo de tesis, gracias por brindarme tu sincera amistad, además de colaborar en la revisión de este trabajo para que esta fuera mejor y por participar como jurado calificador.

Al **Dr. José Espinoza Velázquez**, por su apoyo en la realización y revisión de este trabajo y sobre todo por su valiosa amistad y apoyo brindado en todo momento.

Al **Dr. David Sánchez Aspeytia**. Por su valiosa participación en este trabajo de Investigación. Por las sugerencias, revisiones y correcciones al documento de tesis.

Al **Dr. Ignacio Eduardo Maldonado Mendoza** del CIIDIR-Sinaloa, Gracias por su paciencia, apoyo y consejos, en la colaboración y revisión de la tesis.

Al **Dr. Humberto de León Castillo** por todo el apoyo brindado durante mi estancia en la maestría, por sus consejos y por tener siempre una palabra de aliento hacia mí, además de ser un excelente maestro y una gran persona.

A la **Lic. Sandra Roxana López Betancourt**, por su valioso apoyo en la estructuración y edición del presente trabajo de investigación.

Sra. **Yolanda** muchas gracias por todo el apoyo brindado antes y durante mi estancia en la maestría, por estar siempre pendiente en cuestión de trámites y documentos en el programa

A la Secretaria **Norma González**, por todo su apoyo brindado durante mi estancia en la maestría, por estar siempre pendiente en la realización de los documentos que necesitaba y sobre todo por su amistad.

**A mis Compañeros del Postgrado y Amigos:** Huberto, Juan de Dios, Eva, Inés, Yadira, **Agustín**, **Antonio negrete**, **Pilar**, Diana, Gabriela, **Mayra**, José Luis, Antonio Morales, **Alondra**, **Eduardo**, **Alejandro** (Ochoa), Francisco, **Olga**, **Cirilo**, Raúl Gonzales, Alexander y **Miguel Ángel** por todo su apoyo brindado incondicionalmente y por los momentos inolvidables que pasamos juntos, que de alguna forma participaron en mi desarrollo como persona, ya que aprendí algo nuevo de cada uno de ustedes gracias.

## DEDICATORIA

A MIS PADRES: **Sr. Salvador Hernández Martínez y Sra. Elena Martínez Hernández** por su ejemplo de Honestidad, Humildad, Respeto, Esfuerzo, Dedicación, Lucha Constante y Sinceridad, por darme la vida y por guiarme siempre por el camino del bien, por sus enseñanzas sobre el camino de la vida, por creer en mí y darme toda su confianza. Ustedes me enseñaron a perseverar, a soñar y a demostrar que si se quiere: se puede, que en la vida hay adversidades, pero que siempre se pueden vencer y lograr los objetivos. Muchas gracias por sus consejos, su cariño y su amor incondicional. Los AMO y con mucho cariño les dedico la presente.

A MIS HERMANOS: **Laura, Amadeo, Ciriaco, Fernando, María Elena y Catalina**, por ser parte de mi hermosa familia. Por estar siempre pendientes de mí, por sus consejos, regaños y sugerencias en el trayecto de mi vida, por estar siempre en los momentos hermosos y en los momentos difíciles, la familia siempre es lo más importante que tenemos y estoy segura que ese cariño, apoyo y amor incondicional entre nosotros siempre va a existir, aunque a veces existen diferencias, pero nada que el cariño y el amor de hermanos no puedan solucionar. Hermanos los quiero mucho y gracias por ser parte importante de mi vida.

A MIS SOBRINOS: **Modesta, Ramona, Aquilino, Norberto, Ana Laura, Ángel Amadeo y a mis pequeños Luz Adai, Salvador, Daniela, Emmanuel y Fernanda** mis niños hermosos los AMO gracias por existir, este mérito es de ustedes ya que son mi fuente de inspiración para superarse en el ámbito profesional.

## COMPENDIO

### SELECCIÓN DE GENOTIPOS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) CON BASE EN PARÁMETROS GENÉTICOS PARA RENDIMIENTO Y RESISTENCIA A *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) (Sacc.) Snyder y Hansen

POR

**ROSENDO HERNÁNDEZ MARTÍNEZ**

MAESTRO EN CIENCIAS EN FITOMEJORAMIENTO

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARÍA “ANTONIO NARRO”

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. MARZO, 2013.

**DR. ALFONSO LÓPEZ BENÍTEZ -ASESOR-**

**Palabras Clave:** *Solanum lycopersicum* L., efectos genéticos, *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, Resistencia genética, Rendimiento.

Se evaluaron 8 líneas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) y sus 28 híbridos F<sub>1</sub> y la progenie F<sub>2</sub>, con los siguientes objetivos: I) Determinar los efectos genéticos e identificar y seleccionar los genotipo con buen potencial de rendimiento y resistencia a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*. II) Comparar 2 métodos (Tasa de Incremento de la Enfermedad y Área Bajo la Curva del Desarrollo de la Enfermedad) de evaluación del avance a la marchitez por *Fusarium* en tomate y determinar las razas de *Fusarium oxysporum* f. sp.

*lycopersici* (Fol) en Villa de Arista, San Luis Potosí, México. Los híbridos F<sub>1</sub> se produjeron en invernadero de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) y se evaluaron en el lote experimental de la misma institución, mediante un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La toma de muestra de Fol se realizó en predios de Villa de Arista, San Luis Potosí. La identificación de las diferentes razas de Fol se realizó con materiales diferenciales Bonny Best, Manapal, Walter e I<sub>3</sub>R<sub>3</sub>, las cuales se inocularon con una suspensión de 1x10<sup>6</sup> conidios por ml de cada uno de los aislamientos. Estos mismos aislados se corroboraron por medios moleculares a través de la técnica de PCR. Las 8 líneas y su progenie F<sub>2</sub> se inocularon con la raza 3 de Fol en el invernadero de la U.A.A.N. Las variables a evaluar fueron: Días a Primer Corte (DPC), Días a Último Corte (DUC), Días en Cosecha (DC), Numero de Cortes (NC), Número de Frutos por Planta (NFPP), Peso Total de Fruto por Planta (PTFPP), Peso Promedio del Fruto (PPF), Diámetro Polar (DP), Diámetro Ecuatorial (DE), y Rendimiento (REND) en toneladas por hectárea (t ha<sup>-1</sup>). La información para los efectos genéticos se analizó bajo el método II modelo I de Griffing (1956) y análisis II de Gardner y Eberhart (1966). Las respuestas a la resistencia a Fol se realizó con una escala de severidad del 0 al 5 según Marlat *et al.*, (1966) modificada, con estos valores se estimó un índice de enfermedad en porcentaje y se determinó el avance de la enfermedad y la respuesta de los progenitores y su F<sub>2</sub> a Fol mediante el cálculo del Área bajo la Curva de Crecimiento de la Enfermedad (ABCDE) y la Tasa Incremento de la Enfermedad (TIE) de acuerdo al modelo propuesto por Shaner y Finney (1977). Se realizó un análisis de regresión lineal con la variable peso seco para identificar cuál de los 2 métodos (ABCDE y TIE) nos estima el avance de la enfermedad a Fol.

En los cuadrados medios del análisis dialélico (Método II, Modelo I de Griffing, 1956) se encontraron diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para los efectos de ACG en las variables DP, DE, PPF y significativas ( $p \leq 0.05$ ) en NFPP, PTFPP Y REND. Para los efectos de ACE se encontró diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para las variables DUC, DP, DE, NFPP, PPF significativas ( $p \leq 0.05$ ) en NC. Las líneas IR9 e IR13 fueron las que obtuvieron los

valores más altos de ACG y los híbrido con mayor ACE IR14xD6, IR13xD4 y D4xD3 con respecto a la variable REND. En todas las variables los efectos de tipo no aditivo (ACE) fueron mayor que los efectos aditivo (ACG), sugiriendo en aquellas características con mayor participación en efectos de tipo aditivo pueden ser manejadas bajo un esquema de mejoramiento por pedigrí, mientras que aquellas donde los efectos de tipo no aditivo son más importantes se pueden manejar con hibridación. La línea con mayor REND fue el IR9 con 81.69 t ha<sup>-1</sup> y los híbridos con mayor REND fueron D4xD3 con 133.03, IR14xD6 con 124.09 e IR13xD4 con 115.53 t ha<sup>-1</sup> respectivamente, superando el promedio que fue de 79.94 t ha<sup>-1</sup>, superior a lo reportado en el 2011 que fue de 41.67 t ha<sup>-1</sup> (SIAP, 2011).

El análisis de varianza bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966) demostró la diferencia entre progenitores y sus cruza, así como los diferentes efectos de heterosis, se observó que para la fuente de variación genotipos, se presentaron diferencias altamente significativas para las variables DUC, DP, DE, PPF y significativas NC, PTFPP y REND. La fuente de variación variedades, existió diferencias altamente significativas para DP, DE y significativa para NFPP, PTFPP y REND. Con respecto a fuente de variación heterosis la mayoría de las variables presentaron diferencias altamente significativas y significativas a excepción de DPC, DC, PTFPP Y REND. En heterosis promedio las variables DE, PTFPP, PPF y REND mostraron diferencias altamente significativas. En heterosis varietal presento diferencias ( $p \leq 0.01$ ) en la variable DP, DE y PPF. Con respecto a la fuente de variación de heterosis especifica las variables NC, NFPP se observó diferencias significativas y DUC, DP, DE y PPF con diferencias altamente significativas.

De las 27 muestras tomadas con síntomas de Fol se obtuvo un total de 5 cepas puras, detectándose así la presencia de dos razas. De los cuales la raza 2 se presentó en lotes de Agro Viva y Rancho el Clérigo, la raza 3 en lotes de San Gilberto, Santa María Elena y Lourdes, asumiendo que la raza 2 está presente en una proporción del 40% y la raza 3 en un 60% respectivamente en Villa de Arista, San Luis Potosí. Al corroborar los resultados obtenidos a través de cultivos



diferencias por medios moleculares a través de la técnica de PCR se obtuvieron los mismos resultados.

Los cuadrados medios de análisis de varianza para la reacción a la inoculación de Fol en los 8 genotipos de tomate se observó diferencias altamente significativas en la fuente de variación de genotipos. El ABCDE en las 8 líneas se encontró que el genotipo con mayor incidencia al patógeno fue el IR14 con 2468 porcentaje por día y el de menor incidencia fue el D3 con 1283 porcentaje por día, confirmando con esto diferentes genes de resistencia horizontal. Los cuadrados medios de la progenie  $F_2$  presento diferencias altamente significativas en la fuente de variación de repetición y genotipos. El ABCDE se encontró que la enfermedad progreso más lentamente en algunas cruzas que en otros. Se observó que las cruzas con menor nivel de incidencia fue el IR9xD10 con 822 porcentaje por día, IR9xIR13 con 1384 y D4xD1 con 1416 porcentaje por día. Las cruzas con mayor susceptibilidad a Fol fueron D10xD4, IR14xD6 y D6xD3 con porcentajes por día de 3248, 2784 y 2783 respectivamente.

Los cuadrados medios del análisis de regresión lineal se encontró diferencias significativas para la fuente de variación Tasa de Incremento de la Enfermedad con un coeficiente de regresión de 14.8%, indicando que este método me explica con mayor precisión el avance de la enfermedad de Fol.

## ABSTRACT

**SELECTION OF GENOTYPES OF TOMATO (*Solanum lycopersicum* L.)  
BASED ON GENETIC PARAMETERS FOR YIELD AND RESISTANCE TO  
*Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) (Sacc.) Snyder and Hansen**

POR

**ROSENDO HERNÁNDEZ MARTÍNEZ**

MASTER OF SCIENCE IN PLANT BREEDING

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARÍA “ANTONIO NARRO”

BUENAVISTA, SALTILLO, COAHUILA, MÉXICO. MARCH, 2013.

**DR. ALFONSO LÓPEZ BENÍTEZ -ADVISOR-**

Key words: *Solanum lycopersicum* L., genetic effects, *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, genetic resistance, performance.

We evaluated 8 lines of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) and their 28 F<sub>1</sub> hybrids and F<sub>2</sub> progeny, with the following objectives: I). To determine genetic effects involved in yield components and resistance to *Fusarium* wilt as well as to identify and select those genotypes having the best yield potential and resistance to the disease. II) Compare two methods, Rate of Increase of Disease (r) and Area Under Disease Progress Curve (AUDPC9 of assessment of *Fusarium* wilt progress in tomato and therefore the non-specific resistance,) III). Determine the races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) in Villa de Arista, San Luis Potosi,

Mexico. F<sub>1</sub> hybrids were produced in the greenhouse at the University Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) and evaluated in an experimental field plot of the same institution under a randomized complete block design with three replications. The Fol samplings were collected on commercial tomato crops at Villa de Arista, San Luis Potosi. Differential varieties utilized for races identification means of pathogenic tests were Bonny Best, Manapal, Walter and I3R3, which were inoculated with a suspension of  $1 \times 10^6$  conidia per ml from each one isolates. The races identified were race 2 and race 3 an which were corroborated by molecular means via PCR. There was determined the reaction of the 8 lines and F<sub>2</sub> progeny to race 3 of Fol in the greenhouse of the U.A.A.A.N. In the field experiment, the variables assessed were: Days to First Cut (DPC), days to last cut (DUC), Harvest Days (DC), number of cuts (NC), number of fruits per plant (NFPP) Total weight of fruit per plant (PTFPP), average fruit weight (PPF), polar diameter (DP), equatorial diameter (DE), and yield (YIELD) in tons per hectare ( $t \text{ ha}^{-1}$ ). Data collected were analyzed under method II model I of Griffing (1956) and method II of Gardner and Eberhart (1966) to determine genetic effects and heterotic effects involved in these traits. Responses to Fol was performed with a severity scale from 0 to 5 according Marlat *et al.*, (1966) modified to create a disease index to estimate the progress of the disease in the progenitors and their F<sub>2</sub> generations. We performed a linear regression analysis to variable dry weight to identify which of the two methods (ABCDE or r) estimate best the disease progress of Fol.

In the mean squares diallel analysis (Method II, Model I of Griffing, 1956) the values for GCA effects in variables DP, DE, PPF were highly significant ( $p \leq 0.01$ ) and significant ( $p \leq 0.05$ ) for NFPP, PTFPP and REND. Values of ACE showed highly significant differences ( $p \leq 0.01$ ) for the variables DUC, DP, DE, NFPP, PPF and significant ( $p \leq 0.05$ ) for NC. Lines IR9 and IR13 showed the highest values from ACG and ACE IR14xD6 hybrid, and D4xD3, IR13xD4 with respect to the variable YIELD. In all variables the non-additive effects (ACE) were greater than additive effects (ACG), suggesting those features with the highest participation rate in additive effects can be managed under a scheme of pedigree breeding, while those where the non-additive effects are more important can be managed with

hybridization. The line was more REND IR9 with 81.69 t ha<sup>-1</sup> and the hybrids were more REND D4xD3 with 133.03, 124.09 and IR14xD6 with IR13xD4 with 115.53 t ha<sup>-1</sup> respectively, exceeding the average was 79.94 t ha<sup>-1</sup>, higher than that reported in 2011 that was 41.67 t ha<sup>-1</sup> (SIAP, 2011).

The analysis of variance under model II of Gardner and Eberhart (1966) demonstrated the difference between parents and their crosses, and the different effects of heterosis, it was noted that the source of variation for genotypes, were Highly significant differences for variables DUC, DP, DE, NC PPF and significant for REND, PTFPP. The source of variation varieties, significant differences existed for DP, DE and meaningful NFPP, PTFPP and REND. With regard to the source of variation heterosis, most of the variables were significantly different for DPC, and significant except DC, PTFPP and REND. On average heterosis variables, PTFPP, PPF and REND showed significant differences. In varietal heterosis differences ( $p \leq 0.01$ ) for the variable DP, DE and PPF were found. Regarding the source of variation of the variables specified NC heterosis, significant differences were observed for NFPP and DUC, DP, DE and PPF were highly significant differences.

Of the 27 samples taken from plants showing Fol symptoms there were identified only race 2 and race 3. Race 2 appeared in plots of Agro Rancho Viva and the Cleric, race 3 in San Gilberto batches, Santa Maria Elena and Lourdes. Race 2 is present in a proportion of 40% and the race 3 by 60% respectively in Villa de Arista, San Luis Potosi. Molecular analysis by PCR of the Fol samples collected corroborated the results obtained by pathogenic tests.

The mean squares analysis of variance for the reaction to Fol inoculation of the 8 tomato genotypes there was found highly significant differences in for genotypes. The ABCDE in 8 lines found that the genotype with the highest incidence the pathogen was IR14 with 2468 percent per day and the lowest incidence was the percentage with 1283 D3 per day, confirming that different resistance genes horizontally. The mean squares of F<sub>2</sub> progeny showed highly significant differences for replications and variation genotypes. The ABCDE disease found that some progress more slowly than other crosses. It was observed that with lower cross incidence was the percentage IR9xD10 with 822 per day, with

IR9xIR13 1384 and 1416 D4xD1 with percentage per day. Crosses with increased susceptibility to Fol were D10xD4, IR14xD6 D6xD3 with percentages and per day of 3248, 2784 and 2783 respectively.

The mean squares linear regression analysis found significant differences for the source of variation rate of increase of the disease with a regression coefficient of 14.8%, indicating that this method more accurately explains the disease progression of Fol.

## ÍNDICE DE CONTENIDOS.

	<b>PÁG</b>
<b>I. INTRODUCCIÓN.....</b>	<b>1</b>
Objetivos.....	3
Hipótesis.....	3
<b>II. REVISIÓN DE LITERATURA.....</b>	<b>5</b>
Origen probable del Tomate ( <i>Solanum lycopersicum</i> L.).....	5
Clasificación taxonómica del Tomate.....	5
Importancia económica del cultivo.....	6
Mejoramiento genético.....	6
Diseños dialèlicos.....	8
Efectos genéticos.....	10
Modelo de Garder y Eberhart (1966).....	11
Problemas fitosanitarios del tomate.....	12
Marchitez del tomate por <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> (Fol).....	13
Sintomatología de Fol.....	14
Cultivares (variedades) resistentes a razas de Fol.....	15
Identificación de razas de Fol por medios moleculares.....	16
Resistencia Genética a las enfermedades en la planta.....	17
Resistencia Horizontal.....	18
Resistencia Vertical.....	19
<b>III. MATERIALES Y MÉTODOS.....</b>	<b>21</b>
Descripción del Área de Estudio.....	21
Material genético.....	21
Inóculo utilizado.....	22
Metodología.....	23
Etapa I. Muestreo del patógeno, laboratorio e invernadero.....	23

A). Muestreo del patógeno.....	23
B). Laboratorio.....	23
Aislamiento, purificación e identificación del hongo.....	23
C). Invernadero.....	24
Siembra del material genético.....	24
Riego.....	24
Tutorado .....	24
Poda.....	24
Fertilización.....	25
Programa de cruzamientos.....	25
Cosecha de semilla híbrida.....	25
Identificación de <i>Fusarium oxysporum</i> f sp. <i>lycopercici</i> por medios convencionales .....	26
Siembra de cultivares diferenciales.....	26
Identificación de razas mediante cultivares diferenciales.....	26
Etapa II. Evaluación de parámetros genéticos, Identificación de razas de Fol por medio molecular e inoculación para resistencia a Fol.....	27
A) Evaluación de parámetros genéticos.....	27
Preparación del terreno.....	27
Siembra de progenitores y F <sub>1</sub> .....	27
Trasplante.....	27
Fertirrigación.....	28
Riego.....	28
Poda.....	28
Tutorado.....	28
Cosecha.....	29
Variables evaluadas.....	29
Fenológicas.....	29
Rendimiento.....	29
Toma de datos.....	29
B) Identificación de razas de Fol por medios moleculares.....	30

Extracción del ADN genómico.....	30
Amplificación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR).....	30
Electroforesis de los productos amplificados por PCR.....	31
Caracterización molecular de Razas Fol.....	31
C) Inoculación para resistencia a Fol.....	34
Evaluación de la respuesta de genotipos de tomate a la inoculación con la raza 3 de Fol.....	34
Inoculación.....	35
Unidad experimental.....	36
Diseño genético.....	37
Pruebas de medias.....	40
Análisis estadístico.....	40
<b>IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....</b>	<b>41</b>
Variables Fenológicas.....	41
Variables de Rendimiento.....	42
Efectos Genéticos.....	44
Análisis de varianza modelo II de Gardner y Eberhart (1956).....	50
Identificación de razas de Fol mediante cultivares diferenciales.....	57
Identificación de razas de Fol por medios moleculares.....	59
Evaluación de progenitores a la infección de <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	61
Evaluación de las generaciones F <sub>2</sub> a la inoculación con <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	64
Regresión lineal.....	66
<b>V. CONCLUSIONES.....</b>	<b>68</b>
<b>VI. LITERATURA CITADA.....</b>	<b>70</b>
<b>VII. APÉNDICE.....</b>	<b>79</b>



## ÍNDICE DE CUADROS.

CUADRO		PÁG.
1.	Líneas de tomate utilizadas como diferenciales para la identificación de razas de <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> (Fol).....	22
2	Líneas de tomate utilizadas como progenitores, en los cruzamientos dialélicos. ....	22
3	Programa de Cruzamiento a través del diseño dialélico bajo el Método II de Griffing, Modelo I (1956).....	25
4	Escala para la evaluación de la severidad de los síntomas de la marchitez por <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> (Fol) en el cultivo de tomate.....	27
5	Primers utilizados para amplificar fragmentos de genes pg1 y pg4 de la poligalacturonasa.....	33
6	Secuencia y posición de primers específicos para la identificación de Forl y Razas de Fol.....	34
7	Cuadrados medios y significancia del análisis dialélico de 8 progenitores de tomate y sus 28 cruzas evaluadas en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v-2012.....	42
8	Cuadrados medios y significancia del análisis dialélico de 8 progenitores de tomate y sus 28 cruzas evaluadas en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v-2012.....	43
9	Estimación de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de ocho líneas progenitoras de tomate del cruzamiento dialélico evaluado en Buenavista, Saltillo, Coahuila, durante el ciclo p-v 2012.....	47
10	Estimación de los efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) de 28 híbridos F <sub>1</sub> evaluados en Buenavista, Saltillo, Coahuila, durante el ciclo p-v 2012.....	50
11	Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza de 8 líneas de tomate y sus 28 cruzas para características de rendimiento y fenológicas analizadas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1956).....	52

12	Estimación de heterosis promedio ( $h$ ), varietal ( $h_i$ ) y específica ( $s_{ij}$ ) de los progenitores y cruzas para las características de rendimiento y fenológicas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966).....	55
13	Identificación de razas en 5 cepas de <i>fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> en lotes de Villa de Artista, San Luis Potosí inoculados artificialmente en genotipos diferenciales.....	58
14	Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza para la reacción del avance de la enfermedad de los progenitores a la inoculación de <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	61
15	Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de los ocho progenitores a <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	62
16	Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza para la reacción del avance de la enfermedad de 27 $F_2$ inoculadas con <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	64
17	Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de los veintisiete $F_2$ a <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	65
18	Cuadrados medios y significancia del análisis de regresión lineal en dos métodos para estimar el avance de la enfermedad en el variable peso seco.....	66

## ÍNDICE DE FIGURAS

FIGURA		PÁG.
1	Representación del arreglo de los fragmentos de Endo, uni y sp23 de la endopoligalacturonasa (pg1) para su amplificación. Líneas con el mismo color de flechas, indican el tamaño del fragmento amplificado.....	32
2	Representación del arreglo de los fragmentos Exo, spr1 y sp13 de la exopoligalacturonasa (pgx4) para su amplificación. Líneas con el mismo color de flechas, amplifican el tamaño del fragmento amplificado. Lineamiento de la exopoligalacturonasa (pgx4).....	33
3	Patrón de amplificación de los productos de PCR de los fragmentos de ADN de Fol r1, r2 y r3 de las cepas 1, 2, 3, 4 y 5. Los primers que se usaron fueron uni (670-672 pb); sp13 (445 pb); sp23 (518 pb) y spr1 (947 pb) de acuerdo a Hirano y Arie (2006).....	60
4	Patrón de amplificación de los productos de PCR de los fragmentos de ADN de Fol r1, r2 y r3 de las cepas 1 y 4. Los primers que se usaron fueron uni (670-672 pb); sp13 (445 pb); sp23 (518 pb) y spr1 (947 pb) de acuerdo a Hirano y Arie (2006).....	60
5	Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de los ocho progenitores a <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	63
6	Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de ocho cruces F <sub>2</sub> a <i>Fusarium oxysporum</i> f. sp. <i>lycopersici</i> .....	66

## I. INTRODUCCIÓN

En México la horticultura es una actividad agrícola de importancia socioeconómica, por la captación de divisas y la generación de empleo. El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es, sin duda una de las hortalizas de mayor consumo a nivel mundial (Sánchez *et al.*, 2009). En Norte y Centroamérica, el consumo per cápita/año es alrededor de 27 Kg, mientras que a nivel mundial es de 12.6 Kg. Además de ser una de las de mayor valor económico, su demanda aumenta continuamente y con ella su cultivo, producción y comercio.

El tomate, como todos los cultivos, es afectado por diferentes factores que limita la producción y por ende su rentabilidad. Entre los factores que más afectan el desarrollo normal de este cultivo se encuentran las enfermedades de tipo marchitamiento provocada por hongos, las cuales se presenta en la mayoría de las zonas tomateras de México y pueden causar pérdidas superiores a 50% (Apodaca-Sánchez *et al.*, 2004).

La enfermedad fúngica más importante en tomate es la marchitez vascular causada por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) (Sacc.) Snyder y Hansen (Agrios, 2004). En la actualidad se han reportado 3 razas del hongo (Fol), las cuales se distinguen por su virulencia en materiales diferenciales de tomate que contienen diferentes genes de resistencia (Caí *et al.*, 2003).

Con la finalidad de reducir pérdidas económicas debidas a enfermedades del tomate, los agricultores aplican grandes cantidades de productos químicos por ciclo de producción y en ocasiones sin tener un control adecuado sobre el número y momento de las aplicaciones, lo que da lugar a mayores costos de producción y contaminación ambiental.

El uso de cultivares genéticamente resistentes es el método más sencillo, barato, efectivo y seguro para el control de las enfermedades. Sin embargo, esta estrategia de control requiere encontrar variedades de plantas cultivadas, capaces de resistir los daños causados por dichas enfermedades. La importancia de las variedades resistentes es reconocida universalmente, pues el éxito o fracaso de un cultivo depende frecuentemente de la reacción que tenga éste frente a un patógeno determinado (Fernández-Valiela, 2001).

Una de las alternativas para lograr un incremento en la producción por planta, es de evaluar nuevos híbridos o variedades que hubieran destacado en cuanto a parámetros de aptitud combinatoria en caracteres agronómicos de importancia. Entre los diseños genéticos (de apareamiento) más utilizados para encontrar genotipos con características sobresalientes a juzgar por su aptitud combinatoria general (ACG) y específica (ACE) son los propuestos por Haynman (1954), Griffing (1956) o por el diseño de Gardner y Eberhart (1966), mediante los cuales el mejorador logra una mayor eficacia en su programa de mejoramiento, pues le permite seleccionar líneas o genotipos de buen comportamiento promedio, provenientes de una serie de cruzamientos dialélicos (Gutiérrez *et al.*, 2004).

El uso de cruza dialélicas como método de mejoramiento de plantas ha sido muy empleado con la finalidad de encontrar progenitores que muestren parámetros sobresalientes en cuanto a ACG, ACE y heterosis en los cultivos en los que se aplica esta metodología (Dorantes *et al.*, 2008).

Está ampliamente documentado el daño que en tomate causan los patógenos identificados como *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) provocando cuantiosas pérdidas económicas a los horticultores mexicanos, y en general a la horticultura mundial. En este contexto, el presente trabajo se planteó con la finalidad de identificar grupos raciales del hongo presentes en una de las regiones mexicanas productoras de tomate y buscar, a partir de variación pre-

existente, algunas combinaciones híbridas que presentaran al mismo tiempo buen potencial de rendimiento y resistencia genética a la enfermedad.

## OBJETIVOS

- ❖ Identificar y determinar los genotipos más sobresalientes de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) proveniente de un programa de mejoramiento con base a su potencial de rendimiento y resistencia a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*.
- ❖ Seleccionar los mejores genotipos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) con buena aptitud combinatoria general y específica en un grupo de ocho genotipos de tomate.
- ❖ Comparar dos métodos de evaluación del avance de la marchites por *Fusarium* en tomate, tasa de incremento de la enfermedad ( $r$ ) y área bajo la curva de desarrollo de la enfermedad respecto a peso seco de la planta.
- ❖ Determinar las razas fisiológicas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) detectables en Villa de Arista, San Luis Potosí, México.

## HIPÓTESIS

- ❖ Existen diferencias en base a parámetros genéticos para rendimiento entre los genotipos evaluados.
- ❖ Los progenitores presentaran valores diferentes para aptitud combinatoria general y sus híbridos para habilidad combinatoria específica.

- ❖ Las mismas razas fisiológicas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) pueden detectarse tanto en Villa de Arista, San Luis Potosí como en Culiacán, Sinaloa, México, regiones importantes en la producción de tomate.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### Origen probable del tomate (*Solanum lycopersicum* L.)

El tomate, de nombre científico *Solanum Lycopersicum* L. (Peralta *et al.*, 2008) pertenece a la familia de las solanáceas. Esta especie es originaria de Sudamérica, entre los países de Chile, Colombia, Bolivia y Perú. Desde ahí emigró hacia Centroamérica y Norteamérica, siendo México donde se inició su domesticación; de aquí fue introducido a Europa. Su nombre en lengua náhuatl es “tomatl” derivado de allí el vocablo castellanizado de “tomate” (Ramírez y Sáinz, 2006).

Actualmente se cultivan variedades con dos tipos de hábitos de crecimiento, determinadas é indeterminadas. El primer grupo de variedades, es utilizado principalmente para agroindustria y se cultiva al aire libre; posee un período limitado de floración, seguido por un desarrollo frutal sincrónico. El segundo grupo, es utilizado generalmente para consumo fresco, especialmente en invernaderos, cuando las temperaturas son una limitante. Se caracteriza por producir inflorescencias de forma continua durante el desarrollo de la planta (Kinet y Peet, 1997).

### Clasificación taxonómica del tomate

De acuerdo al Sistema Integrado de Información Taxonómica (Integrated Taxonomic Information System-ITIS 2012), el tomate es clasificado como sigue.



Reino: Vegetal

Clase: Magnoliopsida

Orden: Solanales

Familia: Solanaceae

Género: Solanum

Especie: *Solanum lycopersicum* L.

### **Importancia económica del cultivo**

A nivel mundial se sembraron 5, 227,883 ha con una producción de 129,629,883 t (FAO, 2010). La FAO ubica a China como el principal productor con 46,876,088 t, seguida de Estados Unidos con 12,858,700 t, e India con una producción de 12,433,200 t. México está ubicado en el décimo lugar con 2,997,640 de toneladas anuales (FAOTAST, 2010).

La información oficial gubernamental señala que en 2011 la superficie de tomate sembrada bajo condiciones de campo e invernadero en México fue de 53,780.18 ha, y de donde se obtuvo una producción total de 1, 872,481.69 t con rendimiento promedio de 41.67 t ha<sup>-1</sup>. (SIAP, SAGARPA, 2011). En la misma fuente se obtiene que los principales productores de tomate a nivel nacional son; Sinaloa con 345,011.10 t, Baja California con 162,324.92 t, Michoacán con 148,080.85 t, Jalisco con 136,539.82 t, Yucatán con 134,369.40 t, San Luis Potosí con 108,613.50 t y Baja California Sur con 92,882.72 t, respectivamente.

### **Mejoramiento genético**

El constante crecimiento de la población y la creciente demanda de alimentos para sostenerla han hecho necesario producir alimentos y materias primas industrializables en mayor cantidad por unidad de superficie cultivable.

Ante esta demanda el objetivo principal del fitomejoramiento es incrementar la producción y la calidad de los productos agrícolas por unidad de superficie, en el menor tiempo, con el mínimo esfuerzo y costo posibles. Esto se logrará mediante la obtención de nuevas variedades o híbridos de alto potencial, es decir, que produzcan más grano, más forraje, más fruto, o más verduras en la menor área de terreno posible, y que se respondan a las necesidades de agricultores y consumidores.

Una variedad ideal de tomate se define a través de las siguientes características: 1) hábito de crecimiento indeterminado, 2) entrenudos cortos y 3) buena aptitud para amarre de frutos partenocárpicos (otorgado por el gen *pat2*). La planta ideal debería producir racimos regulares de 6 a 8 flores con frutos de tamaño mediano y de 3 a 5 lóculos (80 a 120 g), de color uniformemente rojo, sabrosos, compactos, aptos para el almacenaje, resistentes al transporte. La variedad debe tener una maduración uniforme y ser resistente al daño por sol y al agrietado (FAO, 2002).

En México actualmente el mejoramiento genético del tomate se orienta principalmente a incrementar el rendimiento, tolerancia a condiciones ambientales adversas, plagas y enfermedades (Rodríguez *et al.*, 2004).

El mejoramiento del tomate cultivado con germoplasma silvestre empezó en el año treinta del siglo XX. La resistencia a enfermedades ha sido enfatizada con resistencia a la marchites *por Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* raza 1, reportado en 1940 por Bhon y Tucker, encontrado en *L. hirsutum*. Ellos reportaron también resistencia en PI179532 de *Lycopersicon pimpinellifolium* a la misma raza; esta resistencia era condicionada por un gen dominante simple. La raza 2 es virulenta en cultivares que son resistentes a la raza 1. La resistencia en ambas razas (1 y 2) fue identificada en PI126915 de *L. pimpinellifolium*.

La formación de híbridos  $F_1$  son de importancia en el cultivo de tomate por cierto número de ventajas que presentan con relación a las variedades ya establecidas: Los híbridos manifiestan efectos de heterosis, hasta de 40 por ciento en relación al mejor progenitor; permiten acumular muy rápidamente cualidades como precocidad, forma y tamaño del fruto así como de resistencia a enfermedades del cultivo (Tirilly y Bourgeois, 2002)

En los últimos años los híbridos de tomate han jugado un papel muy importante en cuanto al incremento en rendimiento del cultivo y a la resistencia de plagas y enfermedades. En un estudio realizado con 7 líneas de tomate y sus 21  $F_1$ , comparadas con tres híbridos comerciales arrojaron un alto porcentaje de heterosis, inclusive más arriba que los progenitores, en peso promedio del fruto (32.3%), número de frutos (193.5%) y también en rendimiento total (87.1%) (Suresh *et al.*, 1995).

### **Diseños dialélicos**

Los diseños de este tipo permiten hacer cruza simples posibles entre un número  $n$  de materiales. Esta es una técnica muy favorecida por los mejoradores en general; sin embargo, tiene la desventaja de ser impráctica cuando  $n$  es grande. Para  $n$  entradas habrá  $CS = \frac{n(n-1)}{2}$  cruza simples directas.

Los cruzamientos dialélicos pueden ser usados en estudios genéticos para indagar la herencia de rasgos o características de importancia entre un grupo de genotipos. Específicamente las cruza dialélicas fueron desarrollados para estimar la aptitud combinatoria general de los padres e identificar al padre superior para ser utilizados en la formación de híbridos o sintéticos. El análisis de los datos del dialélico es usualmente realizado acorde a los métodos de Griffing, que permiten desagregar la variación total observada en efectos de ACG y ACE (Yan y Hunt, 2002).

El análisis dialélico es una de las técnicas más útiles para estudiar la variación genética de las características específicas deseadas e identificar las cruzas idóneas para obtener segregantes superiores. Griffing (1956), dentro del modelo fijo, propuso cuatro métodos de análisis dialélicos: el método uno que involucra a los progenitores, cruzas directas y recíprocas; el modelo dos incluye progenitores y cruzas directas; el modelo tres necesita sólo cruzas directas y recíprocas, y el modelo cuatro que emplea solamente cruzas directas.

Los modelos genéticos dialélicos, pueden practicarse con progenitores de diversa índole e.g. líneas puras, parcialmente endocriadas ( $S_1$ ,  $S_2$ , etc.), sintéticos, variedades, poblaciones, o algún tipo de familia. Diversos y versátiles programas computacionales han sido generados para obtener los resultados de los análisis dialélicos de Griffing, sobresalen por su versatilidad los desarrollados por Burrow y Coors (1994) y el de Zhang y Kang (2003)

Los diseños dialélicos son frecuentemente usados por los mejoradores de plantas para obtener información genética como efectos genéticos o estimaciones de aptitud combinatoria general y específica y heredabilidad Zhang y Kang (1997). Estos autores señalan que Griffing (1956) al describir los modelos estadísticos para analizar sus cuatro diseños dialélicos, solo consideró un año o una localidad y que normalmente estos estudios involucran varios años o localidades. Por tal motivo, estos autores generaron un programa para SAS (Statistical Analysis System) el DIALLEL-SAS, el cual permite analizar los cuatro métodos dialélicos involucrando más de un ambiente. Además, para los métodos 1 y 3, los efectos recíprocos se pueden desagregar en efectos maternos y no maternos.

Uno de los objetivos fundamentales de los cruzamientos dialélicos es estimar la aptitud combinatoria general (ACG) y la aptitud combinatoria específica (ACE), (Vallejo, 2002)

## Efectos genéticos

Los términos de aptitud combinatoria (AC), aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) fueron propuestos por Sprague y Tatum (1942), posteriormente Griffing (1956) define a la AC como el comportamiento medio de una línea, en las combinaciones híbridas al cruzarse con otras líneas, o bien el comportamiento de una o varias líneas al cruzarse con una variedad de amplia base genética; la ACG se define como el efecto promedio que una línea imparte a sus cruza, medida como la desviación de la media general, es decir es lo que una línea hereda a sus descendientes en promedio de muchas cruza y la ACE se refiere a la desviación o sesgo de comportamiento predicho en base a las aptitudes combinatorias generales de los padres.

El análisis de ACG permite identificar adecuadamente los progenitores con capacidad de transmitir sus caracteres deseables a la descendencia, y la ACE posibilita conocer todas aquellas combinaciones híbridas  $F_1$  sobresalientes, originadas de cruzamientos entre variedades, líneas o poblaciones. Igualmente este tipo de análisis facilita la información sobre el tipo de acción génica que condiciona la expresión de un carácter, lo cual es básico para escoger el método más adecuado a seguir. La determinación de la ACG y ACE, permiten conocer la forma en que actúan los genes de un carácter dado y la importancia relativa de cada una y es posible obtener un rápido avance en la mejora genética si se usan los genotipos de alta aptitud combinatoria. Cuando los valores de ACG son mayores que los de ACE son más importantes los efectos aditivos. En caso contrario son más importantes los efectos de dominancia, no aditivos (Espitia *et al.*, 2006; Elizondo, 2000 y Peña *et al.*, 1999).

La heterosis o vigor híbrido, se refiere originalmente a la superioridad selectiva de los heterocigotos en cuanto a los caracteres como el tamaño, rendimiento y vigor. La heterosis es importante para los expertos en mejoramiento genético, pues comúnmente se supone que la cruza de progenitores

sobresalientes y distintos, promueven el éxito genético. Los agricultores prefieren híbridos  $F_1$  no solo por sus altos rendimientos sino también por ser más estables en diferentes localidades y años. Los híbridos  $F_1$ , tienen éxito a través de diferentes tipos de estrés impuestos en diferentes localidades y/o años, superando a las líneas homocigóticas en la estabilidad del desarrollo (Hernández *et al.*, 2001 y Tsaftaris *et al.*, (1999).

En un estudio sobre la heterosis y habilidad combinatoria en 5 progenitores y sus 10 cruzas de tomate con adaptación a altas temperaturas, se encontró que los híbridos superaron a los progenitores para el rendimiento de frutos de tamaño grande y mediano, sugiriendo la presencia de efectos no aditivos, mencionando que la presencia de heterosis en híbridos de tomate está asociada con un incremento de la biomasa de la planta y por ende de la producción de frutos. Moreira *et al.*, (2003). En Bangladesh se estudió 10 progenitores y sus 45 cruzas posibles de genotipos de tomate para analizar la heterosis de componentes de rendimiento, se encontró diferencias altamente significativas entre genotipos para todas la características de rendimiento evaluadas, de estos resultados tres híbridos fueron seleccionados por su alto comportamiento heterótico Hannan *et al.*, (2007).

### **Modelo de Garder y Eberhart (1966)**

Gardner y Eberhart (1966) propusieron el análisis de cruzamientos dialélicos entre poblaciones de amplia base genética por medio de tres modelos. El modelo que más se ha empleado por práctico y económico es el GE2, que incluye en la evaluación las  $n$  poblaciones y sus  $n(n-1)/2$  cruzas posibles, donde la variación de todas las poblaciones (entradas) es separada en variación debida a progenitores y variación atribuible a la heterosis promedio de cruzamientos. Este análisis ha demostrado ser confiable para maximizar el comportamiento de las variedades y la expresión de heterosis de sus cruzas. Los parámetros aditivos y de dominancia no pueden ser estimados debido a que están enmascarados dentro

del parámetro variedad, así mismo indican que este análisis hace la partición de la heterosis en heterosis promedio, varietal y específica Murray *et al.*, (2003).

Vallejo *et al.*, (2005) comento algo semejante a lo anterior que Gardner y Eberhart dieron a conocer vario tipos de análisis (I, II, III), siendo el más utilizado el II. Esta metodología de análisis puede aplicarse desde grupos de progenitores totalmente homocigotos ( $F=1$ ) hasta aquellos sin ningún grado de endogamia ( $F=0$ ). La idea es explorar la heterosis (si la hay). Esta a su vez se divide en tres: heterosis varietal, heterosis media y heterosis específica.

Aquí se agrega algo más de las características de la propuesta de Gardner y Eberhart (1966) y Gardner (1967) que propusieron un modelo donde consideran los efectos de cada progenitor y los efectos de la heterosis por separado. A su vez, clasificaron los efectos de la heterosis en tres tipos: a) la heterosis media ( $h$ ) (diferencia entre el promedio de las cruzas y el de sus progenitores); b) la heterosis varietal ( $h_j$ ) (heterosis promedio con que contribuye un progenitor en las cruzas en que participa), y c) la heterosis específica ( $S_{ij}$ ) de cada combinación particular de progenitores Mendoza *et al.*, (2010). Estos mismos autores encontraron en un estudio de 9 híbridos de tomate saladette evaluados bajo invernadero e hidroponía seis cruzas que igualaron la vida de anaquel ( $p \leq 0.05$ ) de sus progenitores y los superaron en rendimiento total de fruto, con efectos de heterosis con respecto al mejor progenitor y al progenitor medio que fluctuaron entre 9 y 11 y entre 7 y 16 kg parcela<sup>-1</sup> de ocho plantas, respectivamente ( $p \leq 0.01$  o  $p \leq 0.05$ ).

### **Problemas fitosanitarios del tomate**

Los problemas fitosanitarios constituyen uno de los aspectos más importantes en el cultivo de *Solanum Lycopersicon* L, en México, con tendencias a incrementarse debido al aumento considerable y progresivo de las áreas sembradas. A nivel mundial el tomate es afectado por diferentes patógenos que dañan tanto la parte aérea como el área radicular, constituyendo un factor limitante

en la producción (Blancard *et al.*, 2011, Hausbeck *et al.*, 2000, Rodríguez *et al.*, 1997 y Jones *et al.*, 1993).

La propagación de una enfermedad fitosanitaria puede originar una disminución de la producción en índices de cantidad y calidad e indirectamente, dificultar el desarrollo del fruto y por tanto su valor. Con ello, se ocasionan pérdidas económicas para los agricultores, además del aumento de costos de producción encaminados a prevenir y controlar las enfermedades (Macías *et al.*, 2006).

Una de las enfermedades de mayor importancia a nivel mundial en el cultivo de tomate es el marchitamiento vascular causado por *Fusarium oxysporum* f. sp. *Lycopersici* (Fol) debido a las grandes pérdidas que ocasiona la facilidad con que se propaga.

### **Marchitez del tomate por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol)**

La marchitez del tomate es una enfermedad devastadora en regiones tomateras de importancia mundial y se ha observado en por lo menos 32 países. Tres razas de Fol se han reportado se distinguen por su virulencia hacia materiales: diferenciales de tomate que llevan los correspondientes genes para resistencia. La raza 1 se reportó inicialmente en 1886 y la raza 2 se reportó primero en 1945 en Ohio. La raza 3 se observó primero en Australia en 1978 (Booth, 1971) y posteriormente en varios estados de la Unión Americana, California, Florida, Georgia, Arkansas, Carolina del Norte y Tennessee (Bost, 2001; Davis *et al.*, 1998 y Chellemi *et al.*, 1992). También se ha encontrado en México (Valenzuela *et al.*, 1996).

Los daños que causa *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici* son de importancia económica en todas las regiones productoras de tomate en el mundo, como las que causó en el estado de Florida (EE.UU) con pérdidas por \$ 500,000 dólares



(Gale *et al.*, 2003). En México, se ha detectado la presencia de las razas 1, 2 y 3 de Fol en Sinaloa (Ascencio *et al* 2008; Carrillo *et al.*, 2003; Valenzuela *et al.*, 1996), Baja California Sur (Holguín 2005); en el estado de Morelos se tiene reporte de la presencia de las razas 2 y 3 (Ortega, 2010).

La marchitez vascular del tomate puede causar grandes pérdidas especialmente en variedades susceptibles y bajo condiciones de alta humedad. Cuando existe bastante inóculo en el suelo a consecuencia de la práctica del monocultivo, existe la posibilidad de que destruya cultivos completos o bajar el rendimiento completamente (Mendoza, 1996).

### **Sintomatología de Fol**

El patógeno penetra a la planta a través de heridas o aberturas naturales atacando al xilema, el cual adquiere coloración café, el micelio se desarrolla invadiendo las células adyacentes. Las plantas jóvenes mueren de dos a cuatro semanas después de que se presenta la infección (Álvarez y Delgadillo 2004).

En plantas adultas los síntomas se manifiestan durante floración y maduración del fruto. El síntoma inicial es amarillamiento en hojas maduras que en ocasiones se desarrolla en un sólo lado de la planta; se presenta marchitez en las horas más cálidas del día, recuperándose durante la noche, conforme avanza la enfermedad la planta se marchita por completo hasta llegar a la muerte. El tejido vascular presenta coloración rojiza oscura extendiéndose hacia el extremo apical del tallo, siendo más notable en el punto de inserción del pecíolo. Una característica importante es la necrosis que presenta el sistema vascular, mientras que la médula permanece sin daños aparentes (Sheu y Wang 2006; Álvarez y Delgadillo 2004; Paulus 1993). En la parte exterior del tallo se observa coloración marrón clara que se distribuye longitudinalmente desde la corona hacia las partes más altas del tallo (Rodríguez *et al.*, 1997). Cuando las plantas sobreviven, los frutos son pequeños y de mala calidad (Álvarez y Delgadillo 2004; CATIE 1990).

## **Cultivares (variedades) resistentes a razas de Fol**

El uso de variedades resistentes es el único método práctico para controlar la enfermedad en el campo. Para elegir el cultivar más apropiado es importante identificar la forma especial y raza del patógeno que se encuentra ocasionando daños (Baysal *et al.*, 2009). En México se comercializan una serie de cultivares que de acuerdo a la información de las empresas semilleras presentan resistencia a una o ambas formas especiales y razas de Fol. Sin embargo, la selección de un cultivar, además de la resistencia a patógenos, también es en función de las características agroecológicas de la zona a cultivar, el rendimiento y las características deseables por el consumidor final tales como calidad, tipo, tamaño, color, sabor, entre otras (Moya *et al.*, 2006).

En México se carece de programas de mejoramiento genético y por lo tanto las semillas que se comercializan provienen de empresas extranjeras (Ascencio *et al.*, 2008). Por otro lado, existen pocos cultivares comerciales disponibles con resistencia a Fol raza 3 (Cai *et al.*, 2003). Por esta situación, en México la producción de tomate se encuentra en riesgo principalmente por el ataque de Fol raza 3 (Ascencio *et al.*, 2008).

Gonzales (2006) afirma que la utilización de variedades resistentes es la medida más adecuada para el manejo de *F. oxysporum*. En el mercado existen variedades con resistencia a las razas 1 y 2 y en menor proporción a la raza 3. Báez *et al.* (2010) mencionan que patrones o portainjertos pueden ser usados como una alternativa viable de control de patógenos radiculares y en este caso especial sobre la marchitez causada por *F. oxysporum*.

Este método consiste en cultivar una planta susceptible, pero altamente productiva, con el sistema radicular de otra planta resistente a la enfermedad que se pretende controlar. La técnica del injerto se basa en el uso de la combinación de patrones resistentes a los patógenos del suelo con variedades y/o híbridos

comerciales altamente productivos, con la finalidad de sustituir el uso de fumigantes/fungicidas de suelo en muchos cultivos (Miguel, 1997).

### **Identificación de razas de Fol por medios moleculares**

El uso de marcadores moleculares acelera los programas de mejoramiento genéticos ya que estos pueden suplantar los tradicionales marcadores morfológicos o fenotípicos, en especial cuando la expresión de esta característica es ambientalmente inestable o difícil de observar. Asimismo, los marcadores moleculares también pueden ser utilizados en la identificación de grupos de genes o loci de carácter cuantitativos (QTLs) que puedan proporcionar resistencia horizontal a enfermedades y colaborar con la búsqueda y selección de nuevas variedades con características deseables (Xiangning *et al.*, 1997).

Un método alternativo para identificar y diferenciar razas de Fol es la amplificación de fragmentos de ADN de una secuencia específica de genes de la poligalacturonasa (Hirano y Arie 2006) a través de la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR por sus siglas en inglés). La poligalacturonasa es una de las principales enzimas degradadoras de la pared celular de las plantas, secretada por *F. oxysporum* (Di Pietro y Roncero, 1998). Secuencias específicas de los genes de la *endo* poligalacturonasa (*pg1*) y *exo* poligalacturonasa (*pgx4*) han permitido la identificación de las formas especiales y las razas de Fol de aislamientos originarios de Japón (Hirano y Arie 2006) y Turquía (Baysal *et al.*, 2009).

La técnica de PCR permite amplificar un fragmento de ADN que debe ser flanqueado por dos regiones de secuencia conocida (oligonucleótidos) que son los moldes de iniciación para realizar las copias de forma rápida y en grandes cantidades de una secuencia específica de ADN (González, 2011). Las ventajas

de esta técnica son la rapidez con la que se lleva a cabo, su precisión y practicidad (Hirano y Arie 2006).

### **Resistencia Genética a las enfermedades en la planta**

La resistencia es la capacidad de la planta para reducir el crecimiento y desarrollo del patógeno o parásito después que ha habido contacto entre el hospedante y el patógeno o después que este ha iniciado su desarrollo o se ha establecido (Niks, Ellis y Parveliet, 1993).

La resistencia genética es controlada en algunos casos por un gen o por pocos genes importantes cualitativa monogénica u oligogénica o, como en muchos casos, por múltiples genes en un sistema poligénico. La resistencia puede ser: a) vertical y específica para alguna raza, o b) poligénica, horizontal, no específica. Sin embargo, esas formas de resistencia se pueden romper fácil y rápidamente con la mutación de un solo gen o, a veces, de pocos genes. Renfro (1985) indicó que la resistencia específica pone gran presión sobre el patógeno para su supervivencia, el cual debe cambiar su especificidad por mutación.

La protección de los cultivos puede lograrse usando productos agroquímicos, medidas de higiene, control biológico o resistencia de las plantas. Este último enfoque es el más atractivo porque es rentable y ofrece beneficios para los productores, los consumidores y el medio ambiente. La resistencia a las enfermedades que es controlada genéticamente por la presencia de uno, varios o muchos genes para la resistencia de la planta contra el ataque del patógeno se conoce como resistencia verdadera. En este tipo de resistencia, el huésped y el patógeno son más o menos incompatibles entre sí debido a la falta de reconocimiento químico entre ellos o porque la planta hospedante se defiende a sí misma del patógeno mediante los diferentes mecanismos de defensa que ya tiene, o activados en respuesta a la infección. La resistencia manifestada por las plantas

se ha clasificado en dos grandes categorías: Resistencia Horizontal y Resistencia Vertical (Van der Plank, J.E., 1984).

La resistencia a una enfermedad puede sin embargo no ser, algunas veces, absoluta; esta varía desde una forma parcial de resistencia hasta la casi total inmunidad. Esta variación en la resistencia puede ser debida a: (a) diferencias en la patogenicidad del agente causal; (b) diferencias en los genes que gobiernan la resistencia de la planta hospedante, y (c) los ambientes que afectan la expresión final y la intensidad del desarrollo de la enfermedad (Renfro, 1985). Los genotipos resistentes a una enfermedad en un determinado ambiente pueden no ser eficientes en otro ambiente donde hay una fuerte presión de la enfermedad u otra raza del patógeno.

### **Resistencia Horizontal**

Todas las plantas tienen un cierto nivel de resistencia no específica, pero no siempre la misma, que es eficaz contra un cierto número de patógenos. Este tipo de resistencia a veces se denomina como resistencia no específica, general, cuantitativa, de planta adulta, de campo o durable, pero se conoce más comúnmente como resistencia horizontal (RH).

La RH está bajo el control de muchos genes, de ahí el nombre de resistencia poligénica. Cada uno de estos genes por separado es ineficaz para contrarrestar el efecto del patógeno y puede tener una función menor en la resistencia total de la planta (resistencia de genes menores).

En general, la RH no evita que las plantas sean infectadas, sino que reduce la tasa del incremento de la enfermedad de cada uno de los lugares de infección en la planta y por lo tanto retrasa la propagación de la enfermedad y el desarrollo de las epifitias en el campo. Esta reducción de la tasa de incremento de la enfermedad ocurre mediante un menor número de esporas que logran infectar el

tejido e iniciar una lesión en el cultivar resistente. Las lesiones desarrollan más lentamente requieren de mayor tiempo para iniciar una nueva generación de inóculo. Todos estos efectos son parciales. Las esporas logran infectar el follaje de las variedades con resistencia no específica, aunque es menor el número que lo hace, las lesiones se desarrollan aunque más lentamente (Van Der Plank, 1984).

Las variedades con RH pueden presentar lesiones pequeñas, poco inóculo, ciclos más largos, etc. características que influyen directamente sobre la posibilidad de que la enfermedad llegue a la categoría de epifítia. Por la naturaleza poligénica de la RH es más influenciada por las condiciones ambientales, que pueden retardar o activar los genes según el estímulo externo que reciba la planta. Desde el punto de vista del mejoramiento genético, este tipo de resistencia es más difícil de manejar en el campo debido a sus componentes de resistencia, así como de manipular genéticamente é incorporar en variedades comerciales, debido al número de genes involucrados (Van Der Plank, 1984).

### **Resistencia vertical**

Muchas variedades vegetales son bastante resistentes a algunas razas de un patógeno pero susceptibles a otras razas del mismo. En otras palabras, dependiendo de la raza del patógeno utilizada para infectar a una variedad vegetal, ésta puede ser resistente a una raza del patógeno y susceptible a otra. Este tipo de resistencia, en el que existe interacción diferencial entre el genotipo del patógeno y el del huésped, se denomina como resistencia específica, cualitativa o diferencial, pero se conoce con más frecuencia como resistencia vertical (RV).

La RV suele estar controlada por uno o pocos genes (por ello se denomina resistencia oligogénica). Estos genes suelen tener un efecto importante sobre la interacción con el patógeno (se les denomina genes mayores). En general, la RV inhibe el desarrollo inicial del patógeno que llega al campo proveniente de plantas

huéspedes que no tienen los genes mayores necesarios. La resistencia vertical inhibe el desarrollo de epifítias al limitar el inóculo inicial. Las variedades con RV muestran resistencia completa a un patógeno específico en la mayoría de las condiciones ambientales, pero una o varias mutaciones que ocurran en el patógeno pueden originar una nueva raza que entonces puede infectar a la variedad anteriormente resistente. Esto da como resultado la ruptura o “quiebra” de la RV, debido a que los genes de resistencia en este caso confieren esa característica sólo contra una o unas pocas razas y al aparecer una raza nueva o seleccionarse una (entre las ya existentes), con genes de virulencias diferentes, no encuentra barreras para establecerse y alcanzar poblaciones altas. Cuando esto ocurre, la población queda vulnerable al desarrollo de una epifítia. Este tipo de resistencia no es afectada por condiciones ambientales, por lo que su manifestación es plena y además es muy fácil de incorporar en programas comunes de mejoramiento, por lo que es ampliamente usada en estos procesos (Van Der Plank, 1984).

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### Descripción del Área de Estudio

La presente investigación se realizó en dos etapas, la primera etapa en el ciclo primavera-verano del 2011. Consistió en la colecta de muestras de cultivos de tomate con síntomas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopercici* (Fol), llevándose a cabo en las áreas hortícolas del estado de San Luis Potosí; laboratorio: para el aislamiento y purificación de Fol, invernadero: para la formación de los híbridos e identificación de Fol a través de métodos convencionales, la cual tuvo lugar en el invernadero 7 de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (U.A.A.A.N.) ubicada en Buenavista, al sur de Saltillo, Coahuila, México, situada a 25° 23' latitud Norte y 101° 00' longitud W y una altitud de 1743 msnm, con un clima: Bshw (x' ) (e): muy seco, semicálido, con precipitación de 350 a 450 mm promedio anual (INEGI 2000). La segunda etapa fue la evaluación de parámetros genéticos (progenitores e híbridos F<sub>1</sub>) e inoculación de los progenitores y la población segregante F<sub>2</sub>. Las inoculaciones para la búsqueda de resistencia a Fol se llevó a cabo dentro del invernadero 7 y las evaluaciones para la estimación de los parámetros genéticos se realizaron en el lote experimental que se encuentra adyacente a las instalaciones del invernadero 7 de la U.A.A.A.N. en el ciclo primavera-verano 2012.

#### Material genético

El material genético utilizado en el trabajo de investigación, fueron 4 líneas de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) como diferenciales para las razas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Cuadro 1), y 8 líneas de tomate usadas como progenitores (Cuadro 2), y la población segregante de F<sub>2</sub>.



Cuadro 1. Líneas de tomate utilizadas como diferenciales para la identificación de razas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol).

No. Línea	Línea	Gen de resistencia
1	Bonny Best	Sin genes de resistencia
2	Manapal	Resistente a Raza 1
3	Walter	Resistente a Raza 1 y 2
4	I3R3	Resistente a Raza 1, 2 y 3

Cuadro 2. Líneas de tomate utilizadas como progenitores, en los cruzamientos dialélicos.

No. Línea	Línea	Habito	Tipo de fruto
1	D-1	Indeterminado	Bola
2	D-3	Indeterminado	Bola
3	D-4	Determinado	Bola
4	D-6	Determinado	Saladette
5	D-10	Indeterminado	Bola
6	1R-9	Indeterminado	Saladette
7	1R-13	Indeterminado	Saladette
8	1R-14	Indeterminado	Saladette

### Inóculo utilizado

El hongo utilizado, fue principalmente cepas de la raza 3 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol), aislada de plantas de tomate con los síntomas característicos de la enfermedad “marchitamiento vascular del tomate”, colectadas en algunas áreas tomateras del municipio de Villa de Arista del estado de San Luis Potosí y algunas cepas de raza 3 proporcionadas por el Dr. Ignacio Eduardo Maldonado Mendoza del Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa (CIIDIR) proveniente de lotes comerciales de tomate de ese estado.

## Metodología

### Etapa I. Muestreo del patógeno, laboratorio e invernadero

**A). Muestreo del patógeno.** Con el propósito de obtener una muestra representativa de cepas que condicionan la virulencia en *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, hacia los genes para resistencia que llevan las variedades comerciales actualmente cultivadas, se visitaron diferentes lotes productores de tomate de la región tomatera de Villa de Arista, Venado y Moctezuma, del estado de San Luis Potosí. Las muestras consistieron de plantas con los síntomas típicos de marchitamiento vascular, tal como amarillamiento unilateral, achaparramiento y la marchitez. Los lotes visitados fueron: San Juan, Lourdes, San Gilberto, San Lorenzo, Moctezuma, El Clérigo, Santa María Elena y Agroviva, en los que se colectaron del 06 al 09 de Octubre del 2011, en las variedades comerciales: China, Rafaela, Antare, 7705, Moctezuma, Aníbal, Imperial, El Cid y Tipsey, de los cuales se colectaron 27 muestras de tallos con síntomas de la enfermedad (3 muestra por variedad). Se depositaron en bolsas de plásticos previamente identificadas (fecha, lugar, tipo de muestra, etc.), y se transportaron en una hielera al laboratorio de Patosistema Agrícola del Departamento de Fitomejoramiento de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

### B). Laboratorio

**Aislamiento, purificación e identificación del hongo.** En el mes de noviembre del 2011 se procedió a aislar, purificar e identificar el patógeno. La identificación de los aislamientos de *Fusarium* se hizo mediante observación y comparación de sus características morfológicas de micelio, macro y microconidios a través del microscopio y a su vez crecimiento y pigmentación del medio del cultivo. De las plantas muestreadas se realizaron cortes longitudinales del tallo con la finalidad de observar si existían síntomas de necrosis interna de color café en los vasos conductores. Se cortaron en secciones de aproximadamente de 3 mm., los cuales se desinfectaron con una solución de

hipoclorito de sodio al 1% por 3 minutos y se enjuagaron con agua destilada. Posteriormente las porciones del tejido se sembraron en papa-dextrosa-agar (PDA) en caja Petri y se incubaron a 25°C durante 10 días; después se realizó una transferencia para obtener cultivos puros, los cuales se incrementaron para tener inóculo suficiente para los estudios posteriores.

### **C). Invernadero**

**Siembra del material genético.** La siembra de los 8 genotipos de tomate para la formación de los híbridos, se realizaron en el mes de junio del 2011 en charolas de poliestireno de 200 cavidades previamente lavadas y desinfectadas con agua clorada. El sustrato que se utilizó para la siembra fue Peat-moss, después de la siembra se aplicó Biozyme TS a razón de 0.1 g l<sup>-1</sup> de agua, esto para estimular la germinación de las semillas, posteriormente fueron colocadas en el invernadero 7 de la UAAAN, para su germinación y desarrollo, para después llevarlas al trasplante en los bancales del mismo invernadero, dejando 6 plantas de cada progenitor a 0.33 cm entre plantas con una distancia de 50 cm entre surco.

**Riego.** En cuanto al riego después del trasplante, se realizó 3 veces por semana, aumentándose así por semana conforme a las necesidades de la planta.

**Tutorado.** La colocación de tutores se realizó a los 18 días después del trasplante consistió en amarrar cada una de las plantas con rafia y sostenerlas de las estructuras metálicas del invernadero y mediante este hilo se fueron guiando las plantas. La distancia entre hilos fue aproximadamente de 0.33 cm.

**Podas.** Las podas fueron a un solo tallo para materiales de hábito indeterminado y a dos tallos para los de hábito determinado, eliminando los primeros tallos laterales y las hojas más viejas. Estas se realizaron cada semana después del trasplante y se continuaron hasta la finalización del ciclo del cultivo en tomates de tipo indeterminado y los de crecimiento determinado solo hasta el inicio de fructificación.

**Fertilización.** La aplicación de fertilizaciones se realizó de acuerdo con la siguiente formulación (g) en 200 L de agua.

Sulfato de Potasio	84	Proquelato de Manganeso	28
Sulfato de Magnesio	84	Nitrato de Calcio	280
Quelato de Fierro	28	Urea	14
Fosfato de Amonio	28	Bórax	2
Sulfato de Amonio	28		

Aplicando 1 L por planta cada 8 días, al incremento del desarrollo fenológico de la planta la dosis se incrementó a 1.5 L en etapa de floración y producción.

**Programa de cruzamientos.** Las cruzas se realizaron a partir del mes de agosto hasta octubre del 2011, utilizando 8 progenitores de las cuales se obtuvieron 28 híbridos F<sub>1</sub>, para ello se aseguraron al menos 4 frutos para obtener semilla suficiente para la evaluación de los mismos.

Cuadro 3. Programa de Cruzamiento a través del diseño dialélico bajo el Método II de Griffing, Modelo I (1956).

Genotipo	IR9	D10	IR13	IR14	D6	D4	D3	D1
IR9	IR9xIR9	IR9xD10	IR9xIR13	IR9xIR14	IR9xD6	IR9xD4	IR9xD3	IR9 x D1
D10		D10xD10	D10xIR13	D10xIR14	D10xD6	D10xD4	D10xD3	D10 x D1
IR13			IR13xIR13	IR13xIR14	IR13xD6	IR13xD4	IR13xD3	IR13 x D1
IR14				IR14xIR14	IR14xD6	IR14xD4	IR14xD3	IR14 x D1
D6					D6xD6	D6xD4	D6xD3	D6 x D1
D4						D4xD4	D4xD3	D4 x D1
D3							D3xD3	D3 x D1
D1								D1 x D1

**Cosecha de semilla híbrida.** Los frutos de cada una de las cruzas se cosecharon en etapa de madures fisiológica de forma manual, desprendiendo el fruto del pedúnculo de la planta, y colocando los frutos en bolsas de papel previamente identificas por craza, además se agregó su respectiva etiqueta de identificación, los frutos se llevaron al almacén para la extracción de semillas y posteriormente hacer la evaluación de los híbridos.

## **Identificación de *Fusarium oxysporum* f sp. *lycopercici* por medios convencionales**

**Siembra de cultivares diferenciales.** Los genotipos que se utilizaron como cultivares diferenciales fueron: Bonny Best, Manapal, Walter e I<sub>3</sub>R<sub>3</sub>, los cuales fueron proporcionados del Programa de Conservación de Recursos Genéticos de la Universidad de Davis California. Estos materiales se sembraron el 22 de noviembre del 2011 en charolas de poliestireno de 200 cavidades, utilizando como sustrato peat-moss, las cuales se regaron y fertilizaron de acuerdo a las recomendaciones técnicas del INIFAP (2005). Con la finalidad de asegurar las infecciones del patógeno es conveniente aclarar que no se aplicó ningún producto químico para el control de Fol.

**Identificación de razas mediante cultivares diferenciales.** Las plantas de los cultivares diferenciales, con un desarrollo de 25 a 30 días después de la siembra se sacaron con cuidado de las celdas de las cajas y con un suave chorro de agua se eliminó el exceso de sustrato teniendo cuidado de mantener integras las raíces, se cortaron con tijeras aproximadamente dos centímetros de la punta de las raíces y se sumergieron por separado durante dos minutos en una suspensión de  $1 \times 10^6$  conidios por ml de cada uno de los aislamientos. De los 27 aislamientos que se trajeron del campo se obtuvieron 5 cepas por sus diferencias morfológicas (color de cepa, textura del micelio y tipo de crecimiento, entre otros), cada aislamiento se inoculó en cinco plántulas de cada una de las diferenciales. Después de la inoculación, las plántulas fueron trasplantadas a vasos de plástico de ½ L de capacidad conteniendo suelo estéril y peat moss, manteniéndose en el invernadero por 25 días a una temperatura de  $25 \pm ^\circ\text{C}$ . Se observó y registro la respuesta de las plantas inoculadas 30 días después de la inoculación. La respuesta de las plantas de tomate se hizo utilizando una escala de severidad del 0 al 5 según Marlatt *et al.*, (1996) modificada para estimar la severidad de la enfermedad (Cuadro 4).

Cuadro 4. Escala para la evaluación de la severidad de los síntomas de la marchitez por *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) en el cultivo de tomate,

<b>Escala</b>	<b>Intensidad de la enfermedad</b>
0	Planta libre de síntomas
1	Planta ligera clorosis en hojas inferiores
2	Planta con ligera clorosis y ligera marchitez o achaparramiento
3	Clorosis moderada, marchitamiento o achaparramiento
4	Severa clorosis, marchitamiento y/o achaparramiento
5	Planta muerta

Fuente: Marlatt *et al.*, (1996).

## **Etapas II. Evaluación de parámetros genéticos, Identificación de razas de Fol por medios moleculares e inoculación para resistencia a Fol**

### **A) Evaluación de parámetros genéticos**

**Preparación del terreno.** Se preparó el terreno, llevando a cabo un barbecho y rastreo hasta que el suelo quedara suelto y sin terrones, posteriormente se levantaron las camas, se realizó una primera fertilización antes de la siembra, se colocó la cintilla para el riego en la parte central y finalmente se colocó el polietileno negro de para el acolchado.

**Siembra de progenitores y F<sub>1</sub>.** La siembra de los progenitores e híbridos se realizó el 21 de abril del 2012 en charolas de poliestireno de 200 cavidades, rellenas de peat-moss, sembrando 20 semillas de cada híbrido, aplicando un riego ligero y posteriormente se colocaron en el invernadero 7 de la UAAAN, para su germinación y desarrollo, para después llevarlas al trasplante.

**Trasplante.** El trasplante se llevó a cabo el de 05 de junio del 2012, en campo de forma manual colocando 5 plantas de cada genotipo, en surcos de 2 m de largo, colocando las plántulas a una distancia de 0.33 m de planta a planta y

1.60 m de surco a surco en un marco de plantación lineal con una densidad estimada de 18,939 plantas por hectárea.

**Fertirrigación.** La aplicación de fertilizantes se realizó de acuerdo con la siguiente formulación (g) en 1000 L de agua:

Sulfato de Potasio	420	Proquelato de Manganeso	140
Sulfato de Magnesio	420	Nitrato de Calcio 280	1400
Quelato de Fierro	140	Urea	90
Fosfato de Amonio	90	Bórax	10
Sulfato de Amonio	140		

Antes del trasplante se aplicó 90 g de triple 17 por cada surco, realizándolo de manera manual. En cuanto a la fertilización se realizó 1 riego por semana durante 3 horas, al incremento del desarrollo del cultivo entrando a la etapa de floración y producción se regó 2 por semana durante 4 horas por día.

**Riego.** El manejo del riego después del trasplante, se realizó 3 veces por semana, aumentándose así de acuerdo a las necesidades de la planta.

**Poda.** Se efectuó a los 20 días después del trasplante, fueron a un solo tallo para materiales de hábito indeterminado y a dos tallos para los de hábito indeterminado. Se realizaron cada semana después del trasplante y se continuaron hasta la finalización del ciclo del cultivo en tomates de tipo indeterminado y los de crecimiento determinado solo hasta el inicio de fructificación.

**Tutorado.** Se llevó a cabo a los 25 días después del trasplante, se colocaron tubos por todo lo largo del surco a una distancia de 3 m. en la parte superior de los tubos se colocó un alambre acerado e inoxidable de forma restirada por un tensor y la malla ciclónica del invernadero, de este se dejó caer una rafia individual por planta con el fin de sostener todo el ciclo del cultivo el desarrollo de la planta.

**Cosecha.** La cosecha de los progenitores y los híbridos se realizó en los meses de agosto y septiembre del 2012, se tuvo cuidado de cosechar solo las plantas de la parcela útil, teniendo un total de 8 cortes. La cosecha se realizó de manera manual, colectando frutos con un grado de madurez de pinto a maduro, desprendiendo el fruto del pedúnculo de la planta y colocándolo posteriormente en bolsa de papel previamente identificadas por cruza, progenitor, fecha, genotipo y repetición. Las bolsas los trasladamos al almacén en donde se evaluaron las variables correspondientes.

### **Variables evaluadas**

**Fenológicas:** Días a Primer Corte (DPC), Días a Último Corte (DUC), Días en Cosecha (DC) en días (d) y Numero de Cortes (NC) en Número (No).

**Rendimiento:** Número de Frutos por Planta (NFPP), Peso Total de Fruto por Planta (PTFPP) en gramos (g), Peso Promedio del Fruto (PPF) en gramos (g), Diámetro Polar (DP) en centímetro (cm), Diámetro Ecuatorial (DE) en centímetro (cm) y el Rendimiento (REND) proyectado en toneladas por hectárea ( $t\ ha^{-1}$ ).

### **Toma de datos**

Para los días a primer corte se realizó un conteo de días a partir de la fecha de trasplanté y el inicio de cosecha de cada uno de los genotipos, esto con la finalidad de determinar la precocidad de los materiales. Para los días a último corte se realizó un conteo de días a partir de la fecha de trasplanté hasta el final del último corte y esto fue con la finalidad de determinar los materiales más tardíos. Los días en cosecha se tomaron contando los días desde el primero hasta el último corte y posteriormente se hizo el cálculo del número de días en producción y así determinar el número de cortes por genotipo.

Al finalizar el último corte se realizaron los cálculos pertinentes para obtener el rendimiento total de cada genotipo, esto se obtuvo sumando el peso de cada uno de los cortes realizados a cada genotipo, el peso total que se obtuvo se dividió



entre el número de frutos totales para obtener el peso promedio de los frutos de cada genotipo por planta. Para obtener el rendimiento en toneladas por hectárea, se multiplicó el rendimiento por planta por la densidad de la población, la cual fue de 18939 plantas por hectárea. Para tamaño del fruto, al sexto corte se tomaron 5 frutos al azar de cada genotipo y de cada repetición y se le tomó su peso, diámetro polar y ecuatorial del fruto y al final se reportó la media de los 5 frutos.

## **B) Identificación de razas de Fol por medios moleculares**

**Extracción del ADN genómico.** El ADN genómico de cada aislamiento fue extraído con DNAzol® (Invitrogen™) siguiendo las instrucciones del fabricante. Se tomaron aproximadamente 50 mg de micelio de cada aislamiento y se suspendió en 300 µL de la solución de extracción de DNAzol®, para promover la lisis celular el tejido se maceró con un pistilo estéril. El macerado para la homogenización se realizó centrifugando a 10 000 rpm durante 10 min; el sobrenadante fue recuperado y se adicionaron 150 µl de etanol absoluto mezclando por inversión y se incubó 10 min a temperatura ambiente (25°C). Posteriormente se centrifugó a 12 000 rpm durante 5 min y se eliminó el sobrenadante. El precipitado fue lavado dos veces con etanol al 75%, en cada lavado se incubó 5 minutos y se centrifugó a 10 000 rpm durante 2 min. Finalmente, la pastilla de ADN se dejó secar 5 min a temperatura ambiente y fue resuspendida con 50 µl de agua ultrapura (GIBCO™) y se almacena a 4°C hasta su uso.

**Amplificación por reacción en cadena de la polimerasa (PCR).** La amplificación por PCR de la región ITS1 e ITS2 del ADN ribosomal (ADNr) de *Fusarium oxysporum* f sp. *lycopercici*, se llevó a cabo con la utilización del par de primers ITS1 (5'-TCCGTAGGTGAACCTGCGG-3') e ITS2 (5'-TCCTCCGCTTATTGATATGC-3'), los cuales amplifican un fragmento de aproximadamente 600 pares de bases (pb) de acuerdo a (White *et al.*, 1990). El volumen de la reacción fue de 12.5 µL, a la cual se le adicionaron 8.05 µL de agua ultrapura, 1.5 µL de buffer de reacción para PCR, 0.5 µL MgCl<sub>2</sub> (50 µM), 0.5 µL de

desoxinucleótidos (dNTP's) (10  $\mu$ M), 0.5  $\mu$ L de cada primer (10  $\mu$ M), 0.2  $\mu$ L de Taq DNA polymerase (1U) y 1  $\mu$ L de ADN de la muestra correspondiente. Las condiciones del programa de PCR para amplificar el ADNr fueron: desnaturalización 4 min a 90°C; seguido de 30 ciclos de 1 min a 94°C, anillamiento 1 min a 62°C y elongación 2 min a 72°C; y un ciclo final de 5 min a 72°C. Se utilizó un termociclador Multigene (Labnet International, Inc., EUA).

**Electroforesis de los productos amplificados por PCR.** Los productos de PCR se corrieron en geles de agarosa al 1%, se prepararon disolviendo agarosa en buffer TAE 0.5X (0.70 mM Tris-HCl pH 8.0, ácido acético, 1mM EDTA). Para teñir el ADN se adiciono el agente intercalante bromuro de etidio (3.5  $\mu$ L). En los geles de agarosa, se colocó en cada pozo 5  $\mu$ L del producto de PCR y para identificar los productos por su peso molecular se usó un marcador de peso molecular de 1 kb (ADN Ladder Plus, Invitrogen<sup>TM</sup>, EUA). El proceso de electroforesis se llevó a cabo durante 45 minutos a 80 volts. Las bandas en el gel se observaron en un fotodocumentador de luz ultravioleta (CHEMIDOC Universal Hood II de Biorad, CA, EUA).

**Caracterización molecular de Razas Fol.** Se realizó la amplificación de ADN por la técnica de PCR anidada que consiste en dos reacciones secuenciales de PCR, utilizando como templado para la segunda reacción el producto obtenido de la primera, el cual contiene el fragmento que se desea amplificar en la segunda reacción.

Para las primeras reacciones, se amplificaron los fragmentos de los genes *endo* poligalacturonasa (*pg1*) y *exo* poligalaturonasa (*pgx4*), utilizando el conjunto de primers *endoF* + *endoR* (Fig. 1) y *exoF* + *exoR* (Fig. 2) descritos por (Di Pietro *et al.* 1998 y Posada *et al.* 2000) (Cuadro 5). El volumen de la reacción de PCR fue de 12.5  $\mu$ l, la cual contenía 8.05  $\mu$ l de agua ultrapura, 1.25  $\mu$ L de buffer de reacción para PCR, 0.5  $\mu$ L MgCl<sub>2</sub> (50  $\mu$ M), 0.5  $\mu$ L de dNTP's (10  $\mu$ M), 0.5  $\mu$ L de

cada primer (10  $\mu$ M), 0.2  $\mu$ L de Taq DNA polymerase (1 U) y 1  $\mu$ L de ADN (100 pg) de la muestra correspondiente.

La amplificación del ADN se realizó en un termociclador Multigene (Labnet International, Inc., EUA). Las condiciones del amplificador fueron: desnaturalización 4 min a 95°C; seguido de 30 ciclos de 1 min a 94°C, anillamiento 1 min a 62°C y elongación 2 min a 72°C; y un ciclo final de 5 min a 72°C.

Para la segunda reacción de PCR se utilizaron los primers unif + unir, sp23f + sp23r (Fig. 1) y sp13f + sp13r, sprlr + sprlr (Fig. 2), descritos por (Hirano y Arie 2006) (Cuadro 6), empleando la misma concentración de reactivos y programa de PCR de la primera reacción. Las condiciones de amplificación fueron las mismas que se emplearon en la primera reacción de PCR.

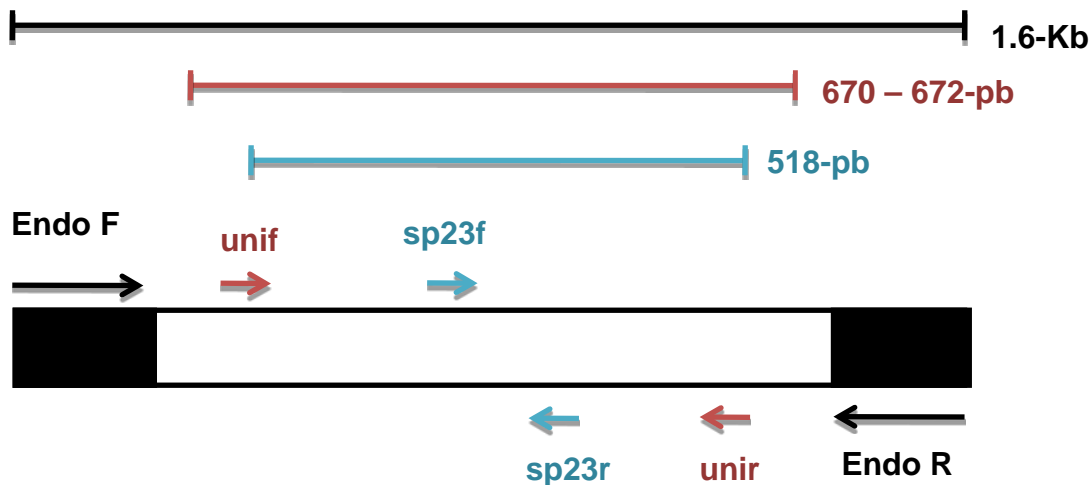


Figura 1. Representación del arreglo de los fragmentos de Endo, uni y sp23 de la endopoligalacturonasa (pg1) para su amplificación. Líneas con el mismo color de flechas, indican el tamaño del fragmento amplificado.

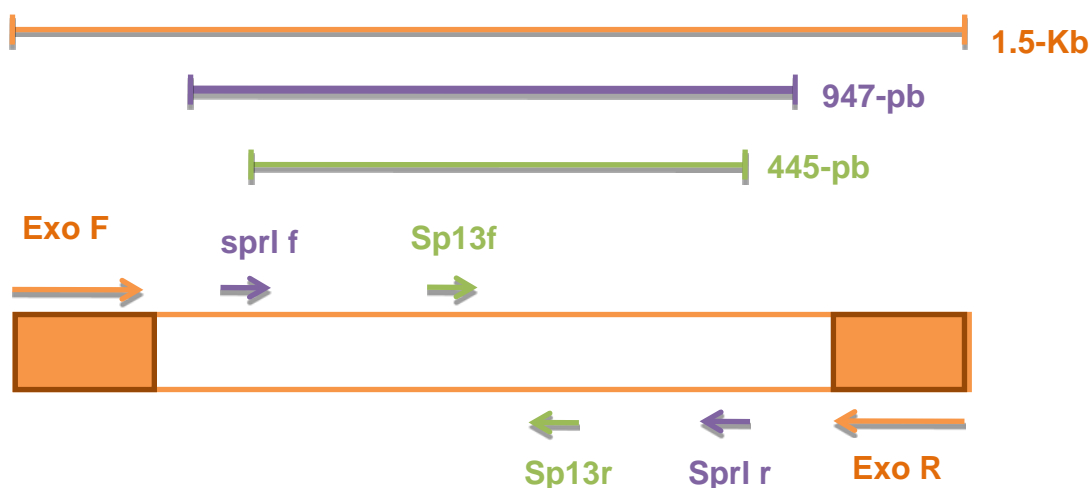


Figura 2. Representación del arreglo de los fragmentos Exo, sprl y sp13 de la exopoligalacturonasa (*pgx4*) para su amplificación. Líneas con el mismo color de flechas, amplifican el tamaño del fragmento amplificado. Lineamiento de la exopoligalacturonasa (*pgx4*)

**Cuadro 5. Primers utilizados para amplificar fragmentos de genes *pg1* y *pg4* de la poligalacturonasa.**

primer	Secuencia	Posición	Tamaño
Pg1 (endo)			fragmento de 1535-1537-pb
Endo F	5'-CCAGAGTGCCGATACCGATT-3'	458-478 del gen U96456	
Endo R	5'-AAGTGTTGGTAGGATAGTTG-3'	2034-2015 del gen U96456	
Pgx4 (exo)			fragmento de 1439-pb
Exo F	5'-CAAGAGAAGTCATCGCAAGG-3'	800-819 del gen AF136444	
Exo R	5'-ACCCAACCCCCTCATCT-3'	2277-2259 del gen AF136444	

**Cuadro 6. Secuencia y posición de primers específicos para la identificación de Forl y Razas de Fol.**

primers	Secuencia	Posición	Tamaño
uni			Amplifica fragmento de 670-672-pb de FORL y FOL Raza 1, 2 y 3
unif	5'-ATCATCTTGTGCCAACTTCAG-3''	170-190 del gen U96456	
unir	5'-GTTTGTGATCTTTGAGTTGCCA-3''	841-820 del gen U96456	
sp13			Amplifica fragmento de 445-pb de FOL Raza 1 y 3
sp13f	5'-GTCAGTCCATTGGCTCTCTC-3''	896-915 del gen AF136444	
sp13r	5'-TCCTTGACACCATCACAGAG-3''	1340-1321 del gen AF136444	
sp23			Amplifica fragmento de 518-pb de FOL Raza 2 y 3
sp23f	5'-CCTCTTGTCTTTGTCTCACGA-3''	240-260 del gen U96456	
sp23r	5'-GCAACAGGTCGTGGGAAAA-3''	757-738 del gen U96456	
sprl			Amplifica fragmento de 947-pb de FORL
sprlf	5'-GATGGTGGAACGGTATGACC-3''	385-404 del gen AF136444	
sprlr	5'-CCATCACACAAGAACACAGGA-3''	1330-1310 del gen AF136444	

### C) Inoculación para resistencia a Fol

**Evaluación de la respuesta de genotipos de tomate a la inoculación con la raza 3 de Fol.** Con el objetivo de encontrar algunas posibles fuentes de resistencias principalmente a la raza 3 de *Fusarium oxysporum* f sp. *lycopercici* se utilizaron 8 genotipos de tomate (Cuadro 2) provenientes de lotes comerciales del estado de Sinaloa y la generación de F<sub>2</sub> (Cuadro 3) generadas durante esta investigación dentro del área de genética y mejoramiento de plantas para resistencia a enfermedades de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Estos genotipos se sembraron el 3 de octubre del 2012 en charolas de poliestireno con 200 cavidades conteniendo peat moss como sustrato, las cuales se regaron y se fertilizaron de acuerdo a las recomendaciones técnicas (INIFAP, 2005), así mismo se procedió de la misma forma en la siembra, para asegurar la infección por Fol de la raza 3, este experimento se estableció en el invernadero No. 7 de la UAAAN.

**Inoculación.** Se inocularon las 8 líneas utilizadas como progenitores y sus 27 poblaciones segregantes, ya que uno de los genotipos (IR9 x D6) se descartó por la falta de viabilidad de la germinación de la semilla. La inoculación se realizó a los 30 días de la siembra se sacaron con cuidado de las celdas de las cajas y con un suave chorro de agua se eliminó el exceso de sustrato teniendo cuidado de mantener integra las raíces, se cortaron con tijeras aproximadamente dos centímetros de la punta de las raíces y se sumergieron por separado durante dos minutos en una suspensión de  $1 \times 10^6$  conidios por ml de cada aislado con cepas de raza 3. Después de la inoculación, las plántulas fueron trasplantadas a charolas de plástico de 5 L de capacidad conteniendo suelo estéril y peat moss, manteniéndose en el invernadero por 30 días a una temperatura de  $25 \pm ^\circ\text{C}$ , de las cuales se utilizaron 3 repeticiones por material, y cada repetición consistió en 3 plantas. Se observó y registro la respuesta de las plantas inoculadas 30 días después de la inoculación. Para evaluar la respuesta de las plantas de tomate se procedió de la misma forma que para la identificación de razas mencionada anteriormente (Cuadro 4).

Con los valores de la escala asignados a las plántulas, se estimó un Índice de enfermedad en porcentaje, para cada uno de los progenitores y cruza obtenidas de la siguiente manera:

$$IE = \left[ \left( \frac{\sum_{i=1}^n X_i}{n} \right) 0.2 \right] 100$$

Dónde:

$X_i$  = Severidad de la enfermedad en la  $i$ -ésima plántula

$n$  = Número de plántulas evaluadas

0.2 = Factor de corrección para porcentajes de enfermedad

Los índices de enfermedad obtenidos en las diferentes cruza y progenitores, se utilizaran para determinar el avance de la enfermedad y la respuesta de estos materiales a la inoculación del patógeno mediante el cálculo del Área bajo la

Curva de Crecimiento de la Enfermedad (ABCDE) de acuerdo al modelo propuesto por Shaner y Finney (1977)

$$ABCDE = \sum_{i=1}^n [(X_{(i+1)} + X_i)/2](T_{(i+1)} - T_i)$$

Dónde:

$X_i$  = Proporción de enfermedad en la  $i$ -ésima observación

$T_{(i+1)} - T_i$  = Tiempo entre dos lecturas

$n$  = Numero de evaluaciones

y la tasa de incremento de la enfermedad mediante el modelo siguiente:

$$r_m = \frac{1}{t_2 - t_1} \left( \ln \frac{1}{1 - x_2} - \ln \frac{1}{1 - x_1} \right)$$

Dónde:

$r_m$  = tasa de infección (monocíclico)

$t$  = tiempo

$x_2$  = proporción de enfermedad en  $t_2$

$x_1$  = proporción de enfermedad en  $t_1$

Después de obtener los datos a través del Área bajo la Curva de Crecimiento de la Enfermedad y la tasa de incremento de la enfermedad se utilizó un análisis de regresión lineal para ver la relación entre la variable Peso Seco en plantas aproximadamente de 80 días y observar cuál de los dos métodos es más apropiado para estimar el avance de la enfermedad que para este caso a *Fusarium oxysporum* f sp. *lycopercici*.

### Unidad experimental

Consistió en 5 plantas, en surcos 2 m de largo con una distancia de 0.33 m de planta a planta y 1.60 m de surco a surco. Se evaluaron 3 plantas centrales con

competencia completa. El diseño experimental fue bloques completos al azar con 3 repeticiones.

### Diseño genético

El método II modelo I de Griffing (1956), que incluye progenitores y cruzamientos directos, se utilizó para estimar la aptitud combinatoria general y específica, con  $p(p+1)/2$  combinaciones.

El modelo para el análisis de aptitud combinatoria es:

$$X_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + \frac{1}{bc} \sum \sum e_{ijkl}$$

$$i, j = 1, 2, \dots, p$$

$$K = 1, 2, \dots, b$$

$$l = 1, 2, \dots, c$$

donde:

$X_{ijkl}$  = Valor fenotípico observado

$\mu$  = media general del experimento

$g_i$  y  $g_j$  = efecto de la a.c.g. de los progenitores

$S_{ij}$  = efecto de la a.c.e. para el cruzamiento  $i \times j$  ( $S_{ij} = S_{ji}$ )

$b_k$  = efecto del bloque  $k$

$(gb)_{ijk}$  = efecto de la interacción entre el genotipo  $ij$  y el bloque  $k$

$\frac{1}{bc} \sum \sum e_{ijkl}$  = efecto residual de la observación  $ijk$

Para el análisis estadístico se tienen en cuenta las siguientes restricciones:

$$\sum_i g_i = 0$$



$$\sum_i s_{ij} + s_{ii} = 0 \text{ (para cada } i\text{)}$$

El análisis II de Gardner y Eberhart (1996) que incluye  $n$  progenitores y sus  $n(n-1)/2$  cruzas varietales, se utilizó para estimar los efectos de heterosis. La media para la población parental o las cruzas es descrita por el modelo:

$$V_j = M_v + V_j \text{ para progenitores}$$

$$Y_{ij} = M_v + \frac{1}{2} (V_j + V_{j'}) + h_{ij} \text{ para la progenie de las cruzas}$$

dónde:

$M_v$  = Media de las variedades parentales

$V_i$  = Efecto varietal de las  $j$ -ésima variedad

$h_{ij}$  = Efecto de la heterosis cuando la variedad  $j$  se cruza con la variedad  $j'$

El efecto de la heterosis ( $h_{ij}$ ) puede ser subdividido como sigue:

$$h_{ij} = h + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

$h$  = heterosis promedio

$h_j$  = heterosis varietal contribuida por la variedad  $j$

$s_{jj'}$  = heterosis específica debida al cruzamiento de las variedades  $j$  y  $j'$

Para estimar los efectos varietales y de heterosis se utilizaron las siguientes formulas:

$$\mu_v = \text{media de todos los progenitores} = y_v/n = y_v$$

$$V_j = \text{efecto de la variedad } j = Y_{jj} - y_v$$

$$\begin{aligned} h_{ij} &= \text{efecto de la heterosis} = Y_{jj'} - \frac{1}{2} (Y_{jj} + Y_{j'j'}) \\ &= h + h_j + h_{j'} + s_{jj'} \end{aligned}$$

Parasubdivir  $h_{ij}$

### i) Heterosis media

$h$  = Heterosis promedio = media de todos los híbridos = media de todos los progenitores =  $Y_H - Y_V$

dónde:

$Y_H$  = promedio de cruzas

$Y_V$  = promedio de progenitores

### ii) Heterosis varietal

$h_j$  = heterosis varietal =  $n-1/n-2 (Y_{hj} - Y_H) - \frac{1}{2} (Y_{jj} - Y_V)$

dónde:

$Y_{hj}$  = promedio de las cruzas en que intervienen el progenitor  $j$

$Y_{jj}$  = promedio del progenitor  $j$

$n$  = número de progenitores

### iii) Heterosis específica

$s_{jj}$  = heterosis específica

=  $Y_{jj} + n/n-2 (Y_H) - n-1/n-2 (Y_{hj} - Y_{hj'})$

donde:

$Y_{jj}$  = promedio de las cruzas entre el progenitor  $j$  y el progenitor  $j'$

$Y_{hj}$  = promedio de las cruzas en que interviene el progenitor  $j$

$Y_{hj'}$  = promedio de las cruzas en que intervienen el progenitor  $j$

### **Pruebas de medias**

Para la comparación de medias se realizó la prueba de Tukey al nivel de probabilidad al 0.05 por ciento.

### **Análisis estadístico**

El proceso de los datos y el análisis estadístico se realizó con el programa Statitical Analysis System (SAS) Versión 9.0. Utilizando el programa Diallel-SAS (Zhang y Kang 2000), el cual permitió realizar el analisis de varianza y estimación de efectos de este experimento.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Variables Fenológicas

En el Cuadro 7 se presentan los cuadrados medios del análisis (Método II, Modelo I de Griffing, 1956) para los 8 progenitores y sus 28 cruzas de las variables fenológicas, observando altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) y diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) en la fuente de variación de genotipos para la variable días a último corte (DUC), número de cortes (NC), indicando que los genotipos se comportan en forma diferente aun en condiciones similares ya sea en campo abierto e invernadero, permitiendo identificar a los genotipos más precoces y con mayor número de corte, estos resultados coinciden con lo reportado por Sánchez (2008) y Mendoza *et al.*, (2010)

De acuerdo a la prueba de medias (Cuadro A.1) se observó que el genotipo más precoz fue la cruce D10xD1 con 72 días a primer corte y el más tardío fue la línea D4 con las cruces D10xD6, D6xD3, IR9xIR13 con 83 días a último corte. Para la variable días en cosecha los genotipos fueron iguales estadísticamente. Con lo que respecta al variable número de cortes las líneas IR9 e IR13 presentaron 8 cortes al igual que las cruces D10xD1, IR14xD4, IR9xD3, D10xIR13 y el genotipo D10xIR14 fue el que tuvo menor número de cortes.

Cuadro 7. Cuadrados medios y significancia del análisis dialélico de 8 progenitores de tomate y sus 28 cruzas evaluadas en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v-2012

F.V	G.L	DPC	DUC	DC	NC
REP	2	12.34	0.61	11.75	1.74
GEN	35	7.19	0.47**	6.93	0.97*
ACG	7	11.18	0.16	11.85	0.76
ACE	28	6.19	0.55**	5.70	1.02*
ERROR	70	6.14	0.24	6.30	0.62
C.V.		3.11	0.49	12.40	11.70
MEDIA		79.63	99.88	20.24	6.75
MAXIMO		82.66	100.00	22.33	7.66
MINIMO		77.00	98.00	17.33	5.66

\*, \*\* Significativo y altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente. FV= Fuente de Variación; GL= Grados de Libertad; DPC= Días a Primer Corte; DUC= Días a Ultimo Corte; DC= Días en Cosecha; NC= Numero de Cortes; REP= Repetición; ACG= Aptitud Combinatoria General; ACE= Aptitud Combinatoria Especifica; CV= Coeficiente de Variación.

### Variables de Rendimiento

En el Cuadro 8 se presentan los cuadrados medios del análisis (Metodo II, Modelo I de Griffing, 1956) para los 8 progenitores y sus 28 cruzas de las variables rendimiento, siendo altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) en la fuente de variación de genotipos para las variables diámetro ecuatorial (DE), número de frutos por planta (NFPP) y peso promedio de frutos (PPF), diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) en la variable pesos total de frutos por planta (PTFPP) y rendimiento en toneladas por hectárea (REND). Indicando con esto variabilidad presente entre los genotipos en estudio. Para la fuente de variación repeticiones se observó diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) y significativas ( $p \leq 0.05$ ) en las variables diámetro ecuatorial (DE) y diámetro polar (DP), esto puede deberse a los progenitores utilizados en las cruzas con el tipo de fruto (bola y saladette), no reportando significancia para las demás variables. Resultado similar obtenido por Guerra (2010) para estas mismas variables evaluando siete líneas de tomate a campo abierto.

En la prueba de medias (Cuadro A.2) el mejor genotipo para DP y DE (2.75 y 2.48 respectivamente) fue el híbrido IR13xIR14, la relación DP-DE nos indica el tipo de fruto de cada genotipo siendo para este material de tipo saladette, diámetros más bajos en DE indica que los genotipos son de fruto de tipo bola. Para NFPP el mejor genotipo fue el híbrido experimental IR13xD4 con 18 frutos por planta, para PTFPP fue el híbrido D4xD3 con 7024 gr por planta. Por lo que respecta al PPF, el mejor genotipo fue el híbrido experimental D4xD3 con 679.05 gr en promedio, seguido por los híbridos IR14xD6 y D4xD1 (635.04 y 623.29 gr respectivamente), para REND el mejor genotipo como progenitor fue IR9 con 81.69 t ha<sup>-1</sup> así como los híbridos experimentales D4xD3, IR14xD6 e IR13xD4 (133.03, 124.09 y 115.53 t ha<sup>-1</sup> respectivamente). El rendimiento promedio fue de 79.94 t ha<sup>-1</sup>, siendo superior a lo reportado en el 2011 que fue de 41.67 t ha<sup>-1</sup> (SIAP, 2011).

Cuadro 8. Cuadrados medios y significancia del análisis dialélico de 8 progenitores de tomate y sus 28 cruas evaluadas en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v-2012.

F.V	G.L	DP	DE	NFPP	PTFPP	PPF	REND
REP	2	0.11*	0.13**	11.28	2622698.4	8003.53	940.72
GEN	35	0.19**	0.25**	20.60**	3637340.6*	41426.29**	1304.66*
ACG	7	0.12**	0.21**	2.36*	5739010.78*	73396.60**	2058.50*
ACE	28	0.20**	0.26**	1.88**	3111923.06	33433.71**	1116.20
ERROR	142	0.03	0.03	10.41	2240998.0	10056.59	803.81
C.V.		7.47	7.66	29.28	35.46	25.13	35.46
MEDIA		2.39	2.29	11.01	4221.43	398.98	79.94
MAXIMA		3.13	2.85	17.66	7024.33	679.05	133.03
MINIMA		2.05	1.80	6.00	2553.33	186.35	46.51

\*, \*\* Significativo y altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente. FV= Fuente de Variación; GL= Grados de Libertad; DP= Diámetro Polar; DE= Diámetro Ecuatorial; NFPP= Numero de Fruto Por Planta; PTFPP= Peso Total de Fruto Por Planta; PPF= Peso Promedio de Fruto; REND= Rendimiento en Toneladas por Hectárea; REP= Repetición; ACG= Aptitud Combinatoria General; ACE= Aptitud Combinatoria Especifica; CV= Coeficiente de Variación.

Los coeficientes de variación (Cuadro 8 y 9) se ubicaron en un rango aceptable para un experimento de campo ya que mostraron valores de 0.49 % para días a ultimo corte hasta 35.46 % para peso total de fruto por planta y

rendimiento, indicando con esto la confiabilidad de los datos de la presente investigación.

### **Efectos Genéticos**

En el Cuadro 7 se observa que para Aptitud Combinatoria General (ACG) en los variables días a primer corte, días a último corte, días en cosecha, número de cortes no presentaron diferencias estadísticas, pero si se observaron (Cuadro 8), diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para la variable diámetro polar, diámetro ecuatorial, peso promedio de fruto y diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) en número de fruto por planta, peso total de fruto por planta y rendimiento en toneladas por hectárea respectivamente, estas diferencias nos indican que cuando menos una de las líneas progenitoras tiene un comportamiento genético diferente a las demás líneas utilizadas, para las características mencionadas.

En cuanto a la Aptitud Combinatoria Especifica (ACE) Cuadro 7 y 8 se encontró diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para las variables días a último corte, diámetro polar, diámetro ecuatorial, numero de fruto por planta, peso promedio de fruto y diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) en número de corte, indicando que al menos una cruza difiere de las otras usadas en el presente experimento en ACE para estas características, estos resultados fueron similares con lo reportado por Hannan *et al.*, (2007), Mendoza *et al.*, (2010) y Guerra (2010), para estas mismas variables.

En la estimación de los efectos de ACG de las líneas progenitoras del cruzamiento dialélico analizado bajo el método II modelo I de Griffing (1956), se observó (Cuadro 9) para la variable días a primer corte (DPC), la línea D4 fue la que obtuvo el valor más alto de ACG, presentado diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ), la existencia de estos efectos positivos en DPC, es una situación desfavorable si se deseara mejorar dicho carácter hacia precocidad, ya que efectos positivos indican ciclos más tardíos; por lo contrario la línea con valor

negativo de ACG mas alto fue la IR14 indicando que este progenitor fue el más precoz, situación que hace deseable este material para mejorar precocidad en futuros estudios. Con respecto a días a último corte (DUC) la línea IR9 fue la que presento el valor positivo más alto de ACG, aunque sin diferencia significativa indicando que los genotipos para esta característica se comportan de manera similar. Estas diferencias entre genotipos pueden deberse a las características de las variedades utilizadas para clasificar los distintos cultivares de tomate, esto es a través de la duración de su ciclo vegetativo dentro de las cuales se encuentran las precoces, semiprecoces, y los tardíos (Elkind *et al.*, 1991).

Para la variable días en cosecha (DC), la línea D4 fue la que obtuvo mayor valor ACG en forma negativa, presentado diferencia significativa ( $p \leq 0.05$ ), para esta misma variable la línea con mayor valor ACG positivo fue IR9. En lo que se refiere a la variable número de cortes (NC) la línea IR9 fue la que obtuvo mayor valor positivo de ACG, presentando así diferencia significativa ( $p \leq 0.05$ ), y el material con mayor valor de ACG pero con signo positivo fue el D4, estas diferencias pueden deberse a que el genotipo D4 es de hábito determinado y el IR9 Indeterminado. Una continua producción de fruto es característica de tomate de hábito indeterminado, en cambio una producción concentrada en periodos cortos de tiempo es de hábito determinado (Elkind *et al.*, 1991).

En referente a la variable diámetro polar (DP), las líneas con mayores valores positivos de ACG fueron IR9, D10 con diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) y D1 con diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ), las líneas con mayor ACG para diámetro ecuatorial (DE) con valores positivos fue la D3 e IR13 y con mayor valor negativo las líneas D4 y D6 presentado diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ), esto nos indica que los materiales presentan amplia diversidad genética para estas dos características, ya que la mitad fue del tipo de fruto bola y el otro de tipo saladette para esta investigación (Cuadro 2).



En cuanto la variable número de frutos por planta (NFPP), la línea D4 mostro el valor positivo más alto, sin embargo, no presento diferencias significativas, a esta le siguieron las líneas D1, IR9 y D6 en orden descendente. Para la variable peso total de fruto por planta (PTFPP) las líneas IR9 e IR13 tuvieron mayor valor positivo de ACG, mostrando diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) y con valor negativo el mayor fue la línea IR14.

Para peso promedio de fruto, las líneas con mayores valores positivos de ACG fueron D10, IR9 e IR13, presentado diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) y significativas ( $p \leq 0.05$ ) respectivamente, el caso contrario las líneas con los mayores valores negativos fueron D4 y D1, ambas con diferencias significativas ( $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ) respectivamente. Con respecto a la variable rendimiento (REND), se observó que las líneas IR9 e IR13 fueron las que obtuvieron los valores más altos de ACG, presentando diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ), para la misma variable las líneas D10 y D6 presentaron valores positivos, la línea con mayor valor negativo fue IR14 con diferencias significativas. De acuerdo a lo anterior esto nos permite identificar genotipos con mayor valor de ACG, para este caso las líneas IR9 e IR13 presentaron para las variables NC, DP, DE, PTFPP, PPF y REND los valores más altos, indicando que ambas líneas son buenas fuentes de germoplasma para desarrollar programas futuros de mejoramiento. Guerra (2010) al estimar ACG, ACE y heterosis en siete líneas de tomate encontró que las líneas IR17, IR24, IR9 e IR14 fueron las que tuvieron mayor valor positivo, coincidiendo con la línea IR9 como uno de los genotipos con mayor ACG, caso contrario reporto para la línea IR13 con mayor valor negativo de ACG.

Al desglosar los progenitores y sus cruzas en ACG y ACE (Cuadro 7 y 8) en las diferentes características podemos mencionar que las que presentaron diferencias significativas y altamente significativas ( $p \leq 0.05$  y  $p \leq 0.01$ ), para días a ultimo corte, numero de cortes, diámetro polar, diámetro ecuatorial, numero de frutos por planta, peso total de fruto por planta, peso promedio de fruto y

rendimiento, se observó que los efectos de tipo aditivo (ACG) contribuyeron con 6.93, 15.72, 13.62, 16.57, 23.90, 31.55, 35.43 y 31.55 por ciento respectivamente, en lo que podemos observar número de fruto por planta, peso total de fruto por planta, peso promedio de fruto y rendimiento este es el efecto más importante, en lo que concierne a los efectos de tipo no aditivo (ACE) contribuyeron en 93.07, 84.28, 86.88, 83.43, 76.10, 68.45, 64.57 y 68.45 por ciento respectivamente, con lo que podemos ver días a último corte, número de corte, diámetro polar y diámetro ecuatorial los efectos de tipo no aditivo son más importantes. Esto se puede traducir en que para aquellas características con mayor participación en efectos de tipo aditivo pueden ser manejadas bajo un esquema de mejoramiento por pedigrí, mientras que aquellas donde los efectos de tipo no aditivo son más importantes se pueden manejar con hibridación.

Según Zewdie *et al* (2000), con base en la ACG de los padres se puede predecir la contribución que cada uno de ellos para su progenie. Esto permite seleccionar plantas que combinen las características superiores de los progenitores, así mismo predecir las cruzas con mayor potencial. Este mismo autor menciona que con altos valores de ACG y ACE de padres y sus cruzas, se puede definir los métodos de mejoramiento más apropiados para aprovechar alelos favorables.

Cuadro 9. Estimación de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de ocho líneas progenitoras de tomate del cruzamiento dialélico evaluado en Buenavista, Saltillo, Coahuila, durante el ciclo p-v 2012.

Líneas	DPC	DUC	DC	NC	DP	DE	NFPP	PTFPP	PPF	REND
D1	0.21	0.09	0.17	-0.05	0.07*	-0.017	0.17	-371.79	-39.71*	-7.04
D3	0.06	-0.09	0.21	-0.04	-0.05	0.10**	-1.14	-17.65	27.55	-0.33
D4	0.92*	0.00	-0.98*	-0.17	0.03	-0.14**	1.41	-426.15	-84.59**	-8.07
D6	-0.50	0.00	0.58	0.02	0.04	-0.08**	1.05	95.57	20.74	1.81
D10	0.75	-0.00	-0.67	-0.21	0.07**	0.05	-0.68	164.63	42.96**	3.11
IR9	-0.63	0.10	0.74	0.27*	0.09**	0.04	0.15	606.57*	58.53**	11.48*
IR13	-0.13	0.00	0.14	0.08	-0.05	0.06**	-0.08	528.24*	38.02*	10.00*
IR14	-0.67	-0.09	0.58	0.10	0.02	-0.01	-0.88	-579.42*	-22.02	-10.97*

\*, \*\* Significativo y altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente.

En el Cuadro 10 se presenta la estimación de los efectos de ACE del cruzamiento dialélico analizado bajo el método II modelo I de Griffing (1956). Se encontró que en días a primer corte (DPC), el valor negativo más alto y significativo para el híbrido D10xIR13 con -2.95; en cuanto a los híbridos que presentaron valores positivos más altos fueron para D6xD3, D10xD6, y D4xD3 (2.42, 2.21 y 2.14 respectivamente), esto puede deberse a que los progenitores utilizados al momento de los cruzamientos algunos eran más tardíos que otros. En cuanto a días a último corte (DUC) los híbridos con mayor valor positivo son D10xD6 y D6xD1 ambos con 0.21 y por el otro lado las cruzas con valores negativos altos para ACE fueron D10xD1, IR13xD3 e IR14xD6 (-1.69, -0.89 y -0.88), mostrando diferencias altamente significativas. En días a cosecha (DC) el híbrido con mayor valor positivo en ACE y con diferencia significativa fue el D10xIR13 con 3.29 y con menor valor negativo fue el D10xD6 con -2.01 sin diferencia significativa. Para número de corte con mayor valor positivo fue la crusa D10xIR13 con 1.13 con diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) e IR9xD3, D10xD1 (0.87 y 0.85 respectivamente) ambas con diferencias significativas ( $p = 0.05$ ), en caso contrario la crusa con mayor valor negativo en ACE fue el D10xIR14 con -1.06 mostrando diferencia altamente significativa.

Para la variable diámetro polar (DP) los híbridos con valores positivos más altos para ACE fueron D10xIR13, IR13xD6, IR9xD10, IR9xIR13 e IR9xIR14 (0.40, 0.39, 0.28, 0.25 y 0.24) con diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) y diferencias significativas ( $p = 0.05$ ) la crusa IR13xIR14 con 0.21, para esta misma variable las cruzas con mayor valor negativo fue IR9xD4 y D10xD1, (-0.32 y -0.28) con diferencias altamente significativas y el híbrido D6xD1, IR13xD4, D10xD3 (-0.21, -0.21 y -0.19) con diferencias significativas.

En cuanto a diámetro ecuatorial (DE) la crusa con mayor valor ACE positivo son el IR9xD4, D4xD3, D4xD1, IR14xD3, IR13xD1 (0.52, 0.38, 0.29, 0.29 y 0.24) mostrando diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) y cruzas con diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) son IR13xD3, D3xD1 y D10xD4 (0.22, 0.21 y 0.19 respectivamente). El

caso contrario, los híbridos con mayor valor ACE negativo para esta misma variable fueron D10xIR13, IR9xIR14, IR13xD6, IR9xIR13 e IR14xD4 (-0.45, -0.36, -0.31, 0.24 y 0.24) mostrando diferencias altamente significativas.

En la variable número de fruto por planta (NFPP) las cruzas con mayor valor de ACE positivo mostrando diferencia altamente significativo fue IR13xD4 e IR9xIR14 (5.08 y 4.75), así mismo se encontraron diferencias ( $p \leq 0.01$ ) con valor negativo para los híbridos IR9xIR13, D4xD1 ambos con -4.28 y diferencias ( $p \leq 0.05$ ) la crusa IR9xD4, D10xIR14 (-4.01 y -0.25).

En peso total de fruto por planta (PTFPP), el híbrido que presentó diferencias ( $p \leq 0.01$ ) con el valor mayor positivo de ACE fue IR14xD6 con 2070.68, seguida de los híbridos IR13xD4 y D4xD3 (1698.47 y 1668.07 respectivamente) mostrando diferencias ( $p \leq 0.05$ ). En caso contrario los híbridos con mayor valor negativo y no diferente estadísticamente fueron IR9xD10 con -1337.52 e IR13xD1 con -967.47.

En cuanto a peso promedio de fruto (PPF) el valor positivo significativo ( $p \leq 0.01$ ) fueron para IR14xD6, D4xD1 y D4xD3 (213.81, 187.79 y 183.50), así mismo se encontró diferencias ( $p \leq 0.05$ ) en los híbridos IR14xD4 con 144.77, IR13xD1 y D10xD1 ambos con 108.89 seguida de IR9xD10 con 108.4, mientras que las cruzas con valores negativos altos y con diferencias ( $p \leq 0.05$ ) fueron D6xD1, IR13xR14 e IR13xD6 (-115.77, -107.30 y -102.03).

Para la variable rendimiento (REND), el híbrido IR14xD6 fue el que presento el mejor valor positivo de ACE con 39.21 presento alta significancia ( $p \leq 0.01$ ), a su vez los híbridos con significancia ( $p \leq 0.05$ ) fueron IR13xD4 con 32.16 y D4xD3 con 31.29, por lo contrario el híbrido IR13xIR14 presento el valor negativo más alto con -25.33. El alto rendimiento de una crusa puede deberse a la suma de efectos aditivos de los genes de ambos progenitores, o bien, a los efectos de interacción

de los alelos dominantes de un progenitor con los alelos recesivos del otro progenitor (Falconer, 1981).

Cuadro 10. Estimación de los efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) de 28 híbridos F<sub>1</sub> evaluados en Buenavista, Saltillo, Coahuila, durante el ciclo p-v 2012.

Cruzas	DPC	DUC	DC	NC	DP	DE	NFPP	PTFPP	PPF	REND
IR9xD10	-0.91	0.11	1.15	0.01	0.28**	-0.01	0.61	1501.35	108.4*	28.43
IR9xIR13	1.88	0.01	-1.74	-0.52	0.25**	-0.24**	-4.28**	-967.47	3.07	-18.32
IR9x1R14	-1.01	0.01	1.01	0.61	0.24**	-0.36**	4.75**	1156.78	-40.85	21.90
IR9xD6	-0.38	-0.05	0.36	0.10	0.04	-0.05	0.43	317.97	2.85	6.02
IR9xD4	1.11	-0.08	-1.14	-0.30	-0.32**	0.52**	-4.01*	-371.54	114.77*	-7.03
IR9xD3	-2.04	0.01	2.11	0.87*	-0.12	0.01	-0.44	198.12	29.73	3.75
IR9xD1	0.81	0.11	-0.64	-0.80	-0.05	-0.06	0.35	-367.54	-61.11	-6.96
D10xIR13	-2.95*	0.20	3.29**	1.13**	0.40**	-0.45**	1.38	-145.62	-64.94	-2.75
D10xIR14	1.14	0.20	-0.93	-1.06**	0.14	0.09	-3.25*	-518.02	37.50	-9.81
D10xD6	2.21	0.21	-2.01	-0.48	-0.05	-0.02	2.48	512.25	-53.40	9.70
D10xD4	0.60	0.10	-0.43	-0.31	-0.12	0.19*	-0.68	-448.35	-22.60	-8.49
D10xD3	0.77	0.20	-0.50	-0.13	-0.19*	-0.01	-0.78	-16.35	54.39	-0.30
D10xD1	-2.02	-1.69**	0.39	0.85*	-0.28**	0.16	-0.98	17.64	108.89*	0.33
IR13xIR14	0.27	0.10	-0.17	-0.26	0.21*	-0.08	2.51	-1337.52	-107.30*	-25.33
IR13xD6	-0.31	0.11	0.41	0.31	0.04	-0.31**	1.25	-707.24	-102.03*	-13.39
IR13xD4	-1.59	0.00	1.66	0.48	-0.20*	0.04	5.08**	1698.47*	-1.96	32.16*
IR13xD3	-0.75	-0.89**	-0.07	0.00	-0.18	0.22*	1.98	1332.47	51.97	25.23
IR13xD1	1.10	0.20	-0.83	-0.34	0.01	0.24**	-0.21	1353.14	108.89*	25.62
IR14xD6	-0.88	-0.88**	0.51	-0.22	0.39**	0.20	-1.04	2070.68**	213.81**	39.21**
IR14xD4	-0.82	0.00	0.76	0.61	-0.05	-0.24**	2.78	274.74	-89.21	5.20
IR14xD3	-0.65	0.10	0.69	0.46	-0.03	0.29**	-1.65	207.74	77.26	3.93
IR14xD1	1.20	0.20	-1.07	-0.54	-0.14	0.16	-1.85	-89.25	44.47	-1.69
D6xD4	-0.74	0.01	0.68	0.19	-0.13	-0.11	1.69	-143.31	-59.07	-2.71
D6xD3	2.41	0.11	-2.38	-0.62	0.10	0.06	1.69	95.02	22.70	1.79
D6xD1	0.61	0.21	-0.48	0.02	-0.21*	-0.01	1.21	-818.64	-115.77*	-15.50
D4xD3	2.14	0.00	-2.13	-0.78	-0.13	0.38**	-0.75	1668.07*	183.50**	31.59*
D4xD1	0.67	0.10	-0.57	-0.63	-0.12	0.29**	-4.28**	-435.58	187.79**	-8.24
D3xD1	-1.15	0.20	1.36	0.05	-1.13	0.21*	1.61	-128.58	-85.76	-2.43

\*, \*\* Significativo y altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01 respectivamente.

### **Análisis de varianza modelo II de Gardner y Eberhart (1956)**

En el Cuadro 11 se muestran los cuadrados medios de los análisis de varianza bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966) para las características evaluadas, el cual permitió conocer la diferencia existente entre los progenitores y

sus cruzas, así como los diferentes efectos de heterosis. Se observaron diferencias significativas para repeticiones para la variable diámetro polar y diámetro ecuatorial, esto puede deberse a que los progenitores utilizados para la formación de sus cruzas, eran de fruto tipo saladette y bola respectivamente.

Para genotipos, se observaron diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) para número de cortes, peso total de fruto por planta y rendimiento. Así mismo diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para días a último corte, diámetro polar, diámetro ecuatorial, número de fruto por planta y peso promedio de fruto, lo que nos indica que cuando menos una cruz se comportó de manera diferente a los progenitores, resultados similares encontrados por Dorantes *et al* (2008), Sánchez (2008) y De la Rosa *et al* (2010).

Así mismo, para la fuente de variación variedades, existieron diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para diámetro polar, diámetro ecuatorial y significativa ( $p \leq 0.05$ ) para número de fruto por planta, peso total de fruto por planta y rendimiento, esto indica que cuando menos una cruz se comportó de manera diferente a los demás, esto debido a las diferentes orígenes genéticos de los progenitores.

En la fuente de variación heterosis se observaron diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para días a último corte, diámetro polar, diámetro ecuatorial, número de fruto por planta, peso promedio de fruto, además diferencias al ( $p \leq 0.05$ ) para número de corte, lo que nos indica una diferencia en comportamiento de las cruzas con respecto a sus progenitores por lo que coincide Martín *et al.*, (1995) el cual señala que en algunos cultivos de autógamias las ganancias heteróticas es considerablemente baja.

Cuadro 11. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza de 8 líneas de tomate y sus 28 cruzas para características de rendimiento y fenológicas analizadas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1956).

F.V	G.L	DPC	DUC	DC	NC	DP	DE	NFPP	PTFPP	PPF	REND
REPETECIÓN	2	12.34	0.61	11.75	1.74	0.11*	0.13**	11.28	2622698.40	8003.53	940.72
GENENOTIPO	35	7.19	0.47**	6.93	0.97*	0.19**	0.25**	20.60**	3637340.60*	41426.29**	1304.66*
VARIEDADES	7	11.18	0.16	11.85	0.76	0.12**	0.21**	24.63*	5739010.78*	73396.60	2058.50*
HETEROSIS	28	6.19	0.55**	5.70	1.02*	0.20**	0.26**	19.60**	3111923.06	33433.71**	1116.20
HET. PROME.	1	0.27	0.39	0.25	0.83	0.03	0.57**	2.93	16837273.53**	112347.50**	6039.29**
HET. VARIET.	7	3.57	0.10	4.11	0.52	0.62**	0.60**	19.65	1500528.35	32739.59**	538.22
HET. ESP.	20	7.41	0.71**	6.53	1.20*	0.07**	0.13**	20.41*	2989643.68	29730.97**	1072.34
ERROR	70	6.14	0.24	6.30	0.62	0.9	0.03	10.41	2240998.00	10056.59	803.81
C.V.		3.11	0.49	12.40	11.70	39.0	7.66	29.28	35.46	25.13	35.46

\*, \*\* Significativo y Altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01 respectivamente.

Para la fuente de variación Heterosis promedio, se obtuvieron diferencias altamente significativas ( $p \leq 0.01$ ) para diámetro ecuatorial, peso total de fruto por planta, peso promedio de fruto y rendimiento, lo cual indica que cuando menos existe una craza que difiere del promedio del experimento.

Heterosis varietal solo presentó diferencias ( $p \leq 0.01$ ) para la variable diámetro polar, diámetro ecuatorial y peso promedio de fruto, lo cual muestra que para la fuente de variación genotipo tuvieron un comportamiento muy similar en las otras características evaluadas.

En lo correspondiente a Heterosis específica, se obtuvieron diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ) para número de corte, número de fruto por planta y diferencias ( $p \leq 0.01$ ) para días a último corte, diámetro polar, diámetro ecuatorial y peso promedio de fruto lo cual nos indica que cuando menos una craza difiere en estas características del resto de las cruas.

En el Cuadro 12 se pueden observar los valores estimados de Heterosis promedio, Aptitud Combinatoria General (ACG) y Aptitud Combinatoria Especifica y su significancia, presentándose diferencias ( $p \leq 0.01$ ) para heterosis promedio (calculada como la diferencia entre la media de todos los híbridos  $F_1$  y la media de

todos los progenitores) en las variables diámetro ecuatorial, peso total de fruto por planta, peso promedio de fruto y rendimiento, lo cual resalta la importancia de los efectos genéticos no aditivos que determinan estas variables. La presencia de heterosis promedio indica que, en general, estas líneas son favorables para explotar el efecto de la heterosis en los híbridos. La heterosis promedio es un primer indicador de la existencia o no de heterosis en el conjunto de los híbridos  $F_1$  formados, con respecto los progenitores utilizados. La existencia de heterosis promedio puede interpretarse como una consecuencia de la divergencia genética entre los híbridos comerciales progenitores, ya que numerosos estudios experimentales de varios autores han mostrado que a mayor divergencia genética entre los progenitores, hay mayor heterosis en las cruzas (Gutiérrez *et al.*, 2002), si los materiales a usar presentan características diferentes y en algunos casos hasta opuestas permitirán clasificar líneas en grupos heteróticos, logrando con ello eficientar la dirección de los cruzamientos para obtener mejores combinaciones híbridas (Fehr, 1982; Sierra *et al.*, 1991).

En la variable días a primer corte el progenitor con mayor heterosis varietal fue D4 con 3.12 con significancia de ( $p \leq 0.05$ ) y el progenitor con menor heterosis varietal fueron el IR9 e IR14 ambos con -1.87 sin diferencias significativas, para el caso de la heterosis específica la cruce con diferencia altamente significativa ( $p \leq 0.01$ ) fue IR9xIR13 con valor de 2.40 y la cruce con menor heterosis específica son D10xIR13 con -2.33 e IR9xD3 con -2.04 respectivamente.

Para días a último corte los progenitores con mejor heterosis varietal fueron D1, D4, D6, IR13, IR14 todos con valor de 0.00 y los más bajos son D3, D10 e IR9 con -0.00 sin diferencias significativas, para heterosis específica la cruce con mayor valor fue D10xD6 y D6xD1 ambos con 0.31 pero sin diferencias significativas y las cruces de valor más bajo con diferencias ( $p \leq 0.01$ ) fueron D10xD1, IR13xD3 e IR14xD6 con valores de -1.52, -0.86 y -0.84.



En días a cosecha el progenitor con mayor heterosis varietal fue el IR9 e IR14 ambos con valores de 2.00 y el más bajo fue el D4 con -3.33 mostrando diferencia ( $p \leq 0.05$ ) respectivamente. Para el caso de heterosis específica la cruce D10xIR13 presento significancia ( $p \leq 0.05$ ) con valor de 2.67, la cruce IR9xIR13 presento significancia ( $p \leq 0.05$ ) y con valor negativo de -2.39.

La heterosis varietal para número de corte el progenitor con mayor valor positivo fue el IR9 e IR14 ambos con 0.75 sin diferencia significativa y el progenitor que presento significancia ( $p \leq 0.05$ ) con valor negativo fue el D4 con -0.91, respecto al heterosis específica D10xD1, D10xIR13, IR9xD3 con valores de 1.02, 0.94 y 0.84 mostrando diferencias ( $p \leq 0.05$ ) y la cruces con menor heterosis específica con significancia ( $p \leq 0.01$ ) fue D10xIR14 con valor de -1.05, respectivamente.

Cuadro 12. Estimación de heterosis promedio (h), varietal ( $h_j$ ) y específica ( $s_{ij}$ ) de los progenitores y cruzas para las características de rendimiento y fenológicas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966).

Tipo de heterosis	DPC	DUC	DC	NC	DP	DE	NFPP	PTFPP	PPF	REND
h. prom.	0.12	-0.14	-0.11	-0.21	-0.04	0.17**	0.39	949.73**	77.57**	17.98**
D1	0.79	0.00	-1.00	-0.25	-0.10	0.20*	1.95	-738.75	-97.56	-13.99
D3	0.79	-0.00	-1.00	-0.25	-0.23**	0.38**	-1.37	251.91	62.97	4.77
D4	3.12*	0.00	-3.33*	-0.91*	-0.37**	0.14	-0.70	-726.75	-52.69	-13.76
D6	-0.54	0.00	0.66	0.08	-0.32**	-0.06	1.29	47.25	-48.99	0.89
D10	0.12	-0.00	-0.00	-0.25	-0.28**	0.37**	-3.37*	404.58	191.72**	7.66
IR9	-1.87	-0.00	2.00	0.75	0.70**	-0.32**	1.29	830.58	20.79	15.73
IR13	-0.54	0.00	0.66	0.08	0.21*	-0.32**	1.29	116.91	-30.51	2.21
IR14	-1.87	0.00	2.00	0.75	0.41**	-0.39**	0.62	-185.75	-45.71	-3.51
cruzas										
IR9XD10	-0.59	0.13	0.77	-0.04	0.16	0.07	1.37	1387.66	87.81	26.28
IR9XIR13	2.40*	-0.01	-2.39*	-0.71	0.07	-0.06	-5.01**	-1135.06	18.61	-21.49
IR9XIR14	-0.76	-0.01	0.66	0.62	0.02	-0.28**	4.92**	899.38	-66.64	17.03
IR9XD6	-0.74	-0.08	0.62	0.16	-0.06	0.07	4.92	133.64	14.83	2.53
IR9XD4	1.01	-0.18	-1.16	-0.24	-0.22**	0.43**	-3.23*	-708.50	59.40	-13.41
IR9XD3	-2.04	-0.01	2.05	0.84*	-0.09	-0.09	0.14	-324.50	-29.07	-6.14
IR9XD1	0.44	0.15	-0.55	-0.62	0.10	-0.14	1.59	-252.61	-84.95	-4.78
D10XIR13	-2.33	0.30	2.67*	0.94*	0.27**	-0.29**	0.41	-219.07	-40.73	-4.14
D10XIR14	1.49	0.30	-1.26	-1.05**	-0.02	0.15	-3.30*	-681.29	20.38	-12.90
D10XD6	1.95	0.31	-1.72	-0.43	-0.12	0.07	2.03	422.04	-32.75	7.99
D10XD4	0.60	0.13	-0.43	-0.25	0.01	0.07	-0.13	-691.18	-69.31	-13.09
D10XD3	0.88	0.30	-0.54	-0.17	-0.12	-0.15	-0.41	-444.85	4.25	-8.42
D10XD1	-2.00	-1.52**	0.51	1.02**	-0.18*	0.06	0.02	226.70	30.34	4.29
IR13XIR14	0.82	0.13	-0.76	-0.39	-0.01	0.05	0.97	-1554.68*	-88.21	-29.44*
IR13XD6	-0.37	0.15	0.44	0.23	-0.09	-0.11	-0.68	-851.33	-45.17	-16.12
IR13XD4	-1.39	-0.02	1.40	0.41	-0.12	0.01	4.14	1401.75*	-12.46	26.54*
IR13XD3	-0.44	-0.86**	-0.37	-0.17	-0.16	0.18*	0.86*	850.09	38.04	16.09
IR13XD1	1.32	0.30	-0.98	-0.30	0.04	0.23**	-0.69	1508.31*	129.92**	28.56*
IR14XD6	-1.20	-0.84**	0.83	-0.10	0.22**	0.29**	-2.07	1836.77**	229.34**	34.78**
IR14XD4	-0.89	-0.02	0.78	0.74	-0.01	-0.38**	2.75	-111.79	-141.04**	-2.11
IR14XD3	-0.61	0.13	0.67	0.49	-0.05	0.13	-1.85	-364.46	21.99	-6.902
IR14XD1	1.16	0.30	-0.93	-0.30	-0.14	0.03	-1.41	-23.90	24.17	-0.45
D6XD4	-1.43	-0.01	1.33	0.37	0.00	-0.20*	0.09	-456.78	-73.14	-8.65
D6XD3	1.84	0.15	-1.77	-0.54	0.17*	-0.03	-0.85	-404.11	5.20	-7.65
D6XD1	-0.04	0.31	0.27	0.31	-0.11	-0.08	1.26	-680.22	-98.30*	-12.88
D4XD3	1.82	-0.02	-1.82	-0.69	0.15	0.05	-0.35	1016.31	98.65*	19.24
D4XD1	0.27	0.13	-0.09	-0.33	0.18*	0.00	-3.24*	-449.79	137.90**	-8.51
D3XD1	-1.44	0.30	1.78	0.24	0.11	-0.09	2.47	-328.46	-139.08**	-6.22

\*, \*\* Significativo y Altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01 respectivamente.

Para diámetro polar la mayoría de los progenitores tuvieron una heterosis varietal al mostrar diferencias significativas de ( $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ), los progenitores IR13, IR14 e IR14 presentaron valores positivos de 0.70, 0.21 y 0.41 cada uno y los progenitores D3, D4, D6 y D10 presentaron valores negativos de -0.23, -0.37, -0.32 y -0.28 respectivamente. Para el caso de la heterosis específica las cruzas

D10xIR13, IR14xD6, D6xD3 y D4xD1 presentaron diferencias ( $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ), las cruzas IR9xD4 y D10x D1 con significancia ( $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ) y con valor negativo.

En diámetro ecuatorial, los progenitores con mayor heterosis varietal fueron tres, dos con una significancia ( $p \leq 0.01$ ) y otra con ( $p \leq 0.05$ ), las cuales fueron el D3 , D10, y D1 con valores de 0.38, 0.37 y 0.20 respectivamente, adicionalmente tres progenitores presentaron valores significativos ( $p \leq 0.01$ ) pero negativos para IR9, IR13 ambos con valor de -0.32 e IR14 con -0.39. Se presentaron cuatro cruzas con valores positivos para heterosis varietal, tres con una significancia ( $p \leq 0.01$ ) y otra con ( $p \leq 0.05$ ), las que fueron IR9xD4, IR13xD1, IR14xD6 e IR13xD3 con valores de 0.43, 0.23, 0.29 y 0.18 respectivamente, adicionalmente tres cruzas presentaron valores significativos ( $p \leq 0.01$ ) pero negativos, -0.28, -0.29 y -0.38 para IR9xIR14, D10xIR13 e IR14xD4 y valor significativo ( $p \leq 0.05$ ) para la craza D6xD4 con valor de -0.20.

La heterosis varietal para número de fruto por planta, el progenitor con mayor valor fue D3 con 1.95 y el progenitor con menor heterosis varietal fue D10 con valor -3.37 mostrando significancia ( $p \leq 0.05$ ). En el caso de heterosis específica, las cruzas IR9xIR14 e IR13xD3 con valores de 4.92 y 0.86 mostraron diferencia significativa de ( $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ), así mismo para cruzas con valor negativo fueron IR9xIR13, IR9xD4, D10xIR14 y D4xD1 presentando significancia ( $p \leq 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ) respectivamente.

En la variable peso total de fruto por planta, el progenitor con mayor heterosis varietal fue el IR9 con 830.58 y el progenitor con menor heterosis varietal fue el D1 con -738.75. En el caso de heterosis específica, la craza IR14xD6 con valor de 1836.77 con significancia de ( $p \leq 0.01$ ), seguida de la IR13xD4 e IR13xD1 con valores positivos de 1508.31 y 1401.74 con significancia ( $p \leq 0.05$ ), adicionalmente la craza IR13xIR14 presento valor significativo ( $p \leq 0.05$ ) pero negativo con valor de 1554.68.

Para peso promedio de fruto, solo el progenitor D10 con valor de 191.72 mostro diferencia significativa ( $p \leq 0.01$ ) de heterosis varietal, y las cruzas con alto heterosis especifica fueron el IR13xD1, IR14xD6, D4xD1 con valores de 129.92, 229.34 y 137.90 los tres con diferencias ( $p \leq 0.01$ ) y con diferencia ( $p \leq 0.05$ ) para la craza D4xD3 con valor de 98.65 respectivamente, las cruzas con diferencias ( $p \leq 0.01$ ) fueron IR14xD4, D3xD1 con valores negativos de -141.04, -139.08 y con diferencia ( $p \leq 0.05$ ) fue el D6xD1 con -98.30 respectivamente.

Con respecto al variable rendimiento, el progenitor con mayor heterosis varietal fue IR9 con 15.73 y los progenitores con menor heterosis varietal fueron D1 con valor de -13.99 y D4 con -13.76, para el caso de la heterosis especifica se presentaron tres cruzas con valores positivos, una con una significancia ( $p \leq 0.01$ ) y dos con ( $p \leq 0.05$ ), las cuales fueron IR14xD6, IR13xD4 e IR13xD1 con valores de 34.78, 26.54 y 28.56 respectivamente, adicionalmente la craza con menor valor fue IR13xIR14 con significancia ( $p \leq 0.05$ ), con -29.44 de heterosis especifica.

### **Identificación de razas de Fol mediante cultivares diferenciales**

Los resultados sobre la reacción de las líneas diferenciales para *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Fol) se obtuvieron prácticamente a los 35 a 40 días después de la inoculación. Las plántulas diferenciales susceptibles presentaron los síntomas típicos de la enfermedad como amarillamiento, epinastia, defoliación, marchites y muerte de las mismas; mientras las resistentes no mostraron sintomatología alguna a las cepas de Fol utilizadas.

De las 27 muestras tomadas en diferentes lotes de Villa de Artista, San Luis Potosí, se obtuvo un total de 5 cepas de Fol, corroborándose su patogenicidad con los síntomas que presentaron después de las inoculaciones con cada una de las cepas.

Al observar la respuesta de los materiales diferenciales a las inoculaciones de las cepas de Fol, se detectó la presencia de dos razas de los lotes muestreados (Cuadro 13). De los cuales el 40% fue a la raza 2 y 60% de raza 3, Las proporciones a estas dos razas encontradas probablemente puede deberse a que en la actualidad existen variedades tolerantes a la raza 2, la cual apareció primero evolutivamente que la raza 3. Estos resultados coinciden con lo publicado por Ortega (2010), quien reportó la presencia de dos razas (2 y 3) de Fol, en el estado de Morelos.

Cuadro 13. Identificación de razas en 5 cepas de *fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* en lotes de Villa de Artista, San Luis Potosí inoculados artificialmente en genotipos diferenciales.

Cepa	Diferenciales				Raza	Lote
	Bonny Best	Manapal	Walter	I3R3		
1	S	S	S	R	3	San Gilberto
2	S	S	S	R	3	Santa María Elena
3	S	S	R	R	2	Agro Viva
4	S	S	R	R	2	Rancho el Clérigo
5	S	S	S	R	3	Lourdes

S; susceptible, R; resistente.

Hasta la fecha en México, se presenta un panorama distinto, respecto a esta enfermedad, ya que hay reportes donde se indican la presencia de raza 1, 2 y 3. Al respecto (Carrillo *et al.*, 2003, Valenzuela *et al.*, 1996, Ascencio *et al.*, 2008), reportan la presencia de estas razas en lotes comerciales de tomate en Culiacán Sinaloa, Baja California Sur (Holguín 2005) y Morelos (Ortega 2010).

En todos los casos se realizó el hongo para comprobar la presencia del mismo. Cai *et al.*, (2003) hizo las mismas pruebas y al determinar las razas los cultivares susceptibles mostraron síntomas de amarillamiento severo y marchitamiento, mientras en los cultivares resistentes no presentaron ningún síntoma, caso contrario ocurrió al momento de inocular un juego de diferenciales y la progenie F<sub>2</sub> ya que los materiales diferenciales presentaron síntomas típicos de la enfermedad, esto puede deberse a otro tipo de raza de la ya reportada que hasta el momento es la raza 3.

## Identificación de razas de Fol por medios moleculares

Para corroborar los resultados obtenidos de los métodos convencionales se recurrió a través de la técnica de PCR de acuerdo a Hirano y Arie (2006) para la identificación de las diferentes razas de Fol en el Municipio de Villa de Arista, San Luis Potosí, las cepas que se procesaron fueron las mismas que se utilizaron en materiales diferenciales. De acuerdo a la Figura 3 la amplificación de 5 cepas de Fol, se observa que en la muestra 1 y 4 en que no hubo presencia de bandedo, esto pudo deberse a la poca cantidad de ADN de estas muestras. Con respecto a la cepa 2 de Fol se observa la presencia de banda solo para el primer UNI a 670-672 pares de bases aproximadamente, indicando con esto que esta cepa de Fol pertenece a la raza 3. En la cepas 3 y 5 se observan la presencia de bandas en los primers UNI y SP23 a 670-672 y 518 pares de bases aproximadamente, indicándonos con esto la presencia en ambas cepas a la raza 2.

En vista a que en la primera corrida de PCR no se obtuvo bandas en la cepa 1 y 4 se realizó nuevamente el proceso para identificar a qué tipo de raza pertenecen dichas cepas. En La figura 4 se observa que las cepas (1 y 4) la presencia de bandas solo en el primers UNI a 670-672 pares de bases, de acuerdo a Hirano y Arie (2006) nos indica con esto la presencia de la raza 3 en ambas cepas que se procesaron. Estos resultados coincidieron con lo que se reportó a través de cultivos diferenciales (Cuadro 13), en donde se comprueba que el 40% pertenece a la raza 2 y un 60% a la raza 3. Resultado similar fue el que obtuvo Dominguez (2012) en aislamiento, identificación y distribución de *Fusarium* spp. en jitomate cultivado en suelo bajo invernadero en el estado de Morelos a través de la técnica de la PCR, utilizando los mismos primers usados en este experimento.

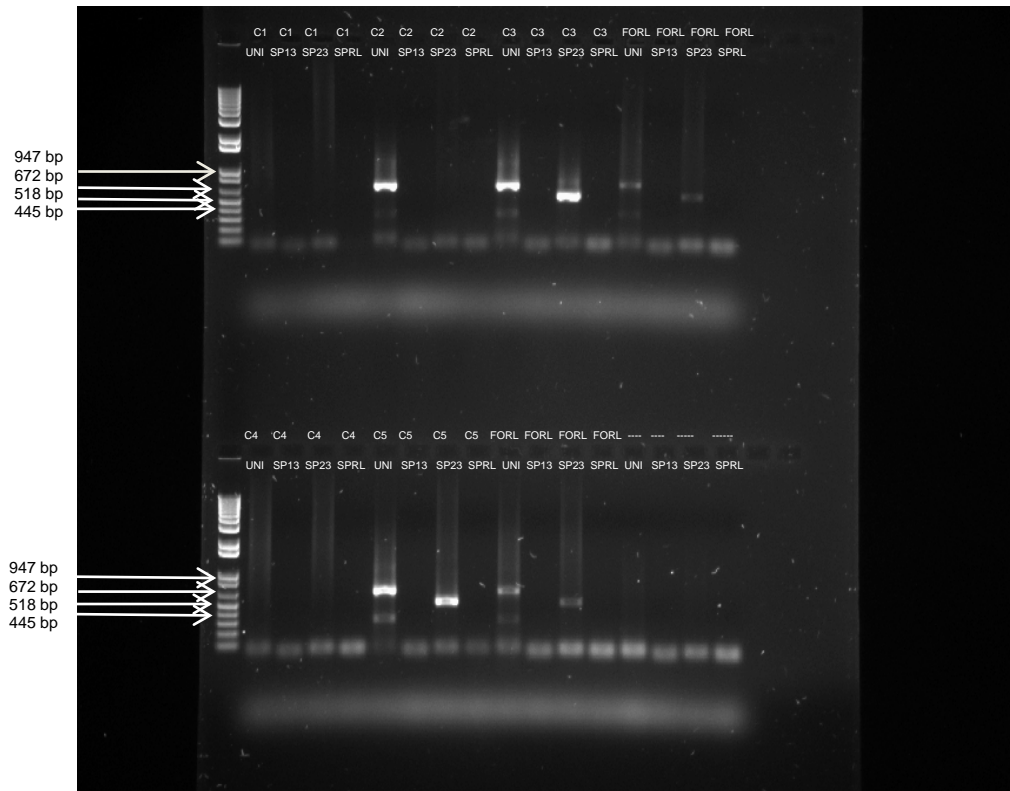


Figura 3. Patrón de amplificación de los productos de PCR de los fragmentos de ADN de Fol r1, r2 y r3 de las cepas 1, 2, 3, 4 y 5. Los primers que se usaron fueron uni (670-672 pb); sp13 (445 pb); sp23 (518 pb) y sprl (947 pb) de acuerdo a Hirano y Arie (2006).

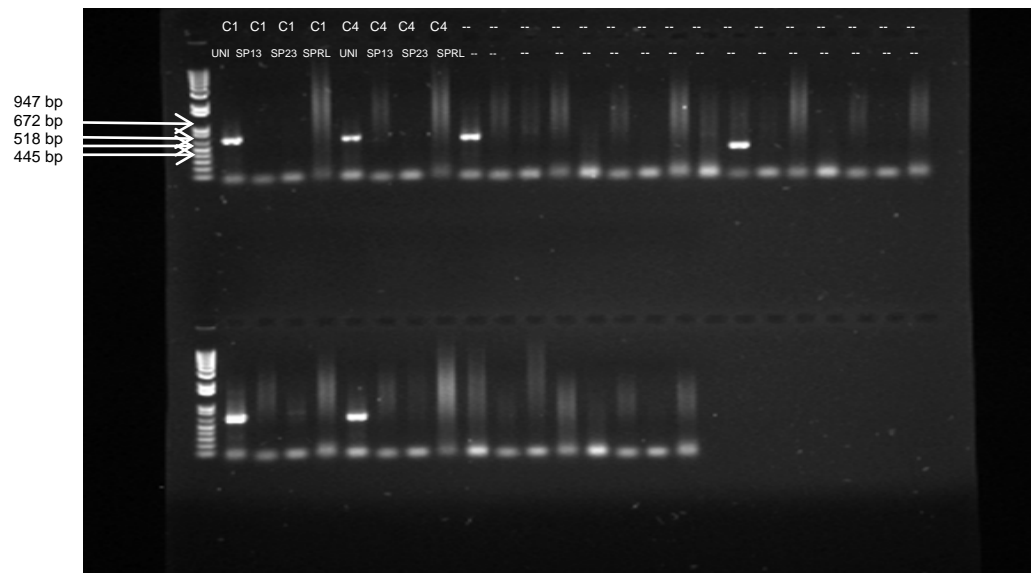


Figura 4. Patrón de amplificación de los productos de PCR de los fragmentos de ADN de Fol r1, r2 y r3 de las cepas 1 y 4. Los primers que se usaron fueron uni (670-672 pb); sp13 (445 pb); sp23 (518 pb) y sprl (947 pb) de acuerdo a Hirano y Arie (2006).

### Evaluación de progenitores a la infección de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*

Los cuadrados medios del análisis de varianza para la reacción a la inoculación de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* en 8 genotipos de tomate (Cuadro 14), se analizaron bajo el diseño de bloques al azar, donde podemos observar en las fuentes de variación que los genotipos presentaron diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ), manifestándose estas para la reacción a la inoculación del hongo, estas diferencias pueden atribuirse a la variabilidad presente en cada uno de los genotipos en estudio.

En la prueba de medias por el método de Tukey (Cuadro A.3), se usó solamente los datos de la quinta evaluación para incidencia de la enfermedad donde podemos observar que el genotipo D6 con 51.473 fue el que tuvo menor incidencia al patógeno durante los 75 días de evaluación y el genotipo que presento mayor incidencia fue D1 con una media de 60.507 respectivamente.

Cuadro 14. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza para la reacción del avance de la enfermedad de los progenitores a la inoculación de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*

F.V	G.L	C.M
REPETICION	2	16.3875500
GENOTIPO	7	75.2155899 **
ERROR	14	12.1733310
C,V		6.179513
MEDIA		56.46125
MAXIMA		66.420
MINIMA		51.473

\*\* Altamente significativo a 0.01; FV= Fuente de Variación; GL= Grados de Libertad; C.M= Cuadrado Medio; C.V= Coeficiente de Variación.

Un parámetro epidemiológico muy utilizado en el estudio de la resistencia de las plantas a las enfermedades, es el área bajo la curva de desarrollo de una enfermedad (ABCDE) (Jeger y Voljanen-Rollinson, 2001 y Haynes y Weingartner,



2004). Este parámetro indica la dinámica de una epifitía mediante un solo valor. Las diferencias observables en el avance de la enfermedad, indican que la enfermedad progresa rápidamente (Cuadro 15) en todos los progenitores siendo todas susceptibles a la enfermedad esto indica que en estas poblaciones no hay genes de dominancia para resistencia.

Cuadro 15. Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de los ocho progenitores a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*.

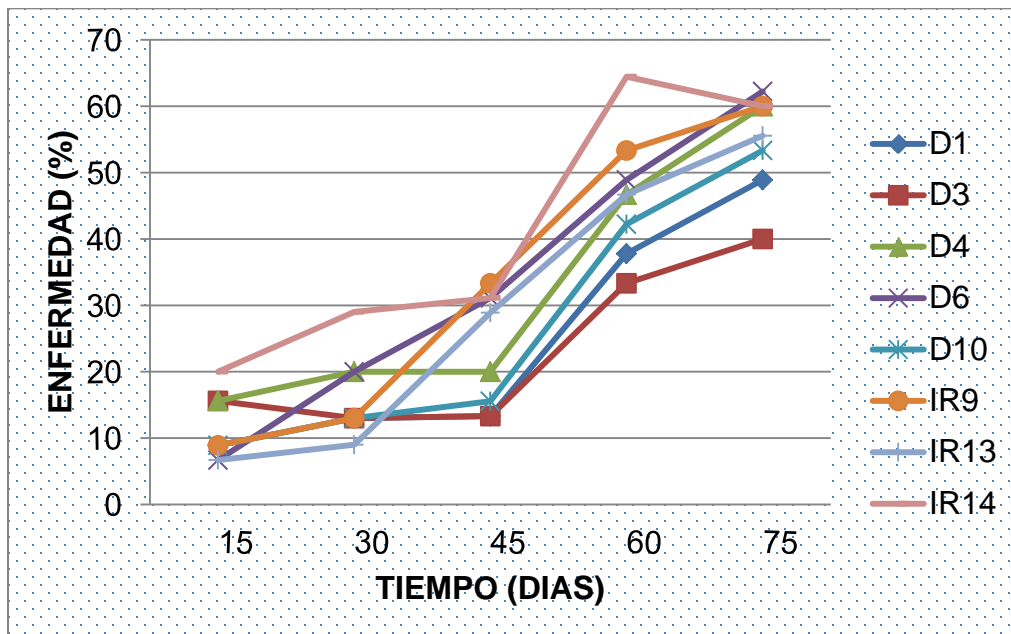
Líneas	15-30 días	30-45 días	45-60 días	60-75 días	Total
	%/días	%/días	%/días	%/días	%/días
D1	167	200	383	650	1400
D3	183	200	350	550	1283
D4	267	300	500	800	1867
D6	200	383	600	832	2015
D10	167	217	434	714	1532
IR9	167	350	650	850	2017
IR13	117	284	567	770	1738
IR14	367	450	718	933	2468

Escalante y Farrera (2004) indican que los menores valores de ABCDE corresponden a los materiales con menor incidencia de enfermedad, es decir con mayor nivel de resistencia, por lo que el Cuadro 15 Al analizar el Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE), se encontró que el genotipo con valor más elevado de incidencia al patógeno fue el IR14 con 2468 porcentaje por días, seguido del D6 e IR9 y los de menor incidencia fueron el D3 con 1283 y D10 con 1532 porcentaje por día respectivamente, confirmando con esto diferentes niveles de resistencia horizontal. De acuerdo a (Van Der Plank, 1984), la resistencia horizontal no evita que las plantas sean infectadas, sino que reduce la tasa del incremento de la enfermedad de cada uno de los lugares de infección en la planta y por lo tanto retrasa la propagación de la enfermedad y el desarrollo de las epifitias en el campo. Esta reducción de la tasa de incremento de la enfermedad ocurre mediante un menor número de esporas logran infectar el tejido e iniciar una lesión en el cultivar resistente. Ambos genotipos pueden ser elegidos

para seguir un proceso de mejoramiento en donde se aprovechen los genes de resistencia a este patógeno.

En la Figura 5, observamos el ABCDE de los ocho progenitores, en la que se muestra, al inicio, un desarrollo lento de la enfermedad, iniciando el genotipo IR14 con una mayor incidencia de enfermedad con respecto al resto de genotipos. La enfermedad continuó avanzando siendo el genotipo D6 al final de la evaluación el que mostró mayor incidencia, seguida sucesivamente del IR14 e IR9 respectivamente. Los tres progenitores D3 y D1, mostraron los menores niveles de susceptibilidad en este grupo de ocho, sin embargo se puede observar que todos los progenitores son susceptibles a esta enfermedad.

Figura 5. Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de los ocho progenitores a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*.



## Evaluación de las generaciones F<sub>2</sub> a la inoculación con *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*

De las generaciones F<sub>2</sub> solo 27 cruzas se evaluaron para resistencia a Fol ya que una de las cruzas (IR9xD6) no se obtuvo semillas viables por tal razón se descartó para este experimento. Los cuadrados medios del análisis de varianza para la reacción a la Inoculación de las F<sub>2</sub> (Cuadro 16) muestran diferencias altamente significativas ( $P \leq 0.01$ ) entre genotipos y repetición para índices de enfermedad. Estas diferencias pueden atribuirse a que son cruzas generadas entre progenitores en los que se detectaron un moderado nivel de resistencia y en otra completa susceptibilidad. Datos similares obtuvo Pérez (2009) al evaluar Efectos Genéticos en la Resistencia a la Marchitez Causada por *Phytophthora capsici* en Chile.

En la prueba de medias por el método de Tukey (A.3), se usó solamente los datos de la quinta evaluación para incidencia de la enfermedad donde podemos observar que la crusa D10xD4 con 21.410, seguida de las cruzas IR14xD6 y D6xD3 ambos con 36.870, son las que tuvieron menor incidencia al patógeno durante los 75 días de evaluación y las cruzas que presentaron mayor incidencia a la enfermedad son IR9xD10, IR9xD1 y D3xD1 (69.013, 64.937 y 59.250) respectivamente.

Cuadro 16. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza para la reacción del avance de la enfermedad de 27 F<sub>2</sub> inoculadas con *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*.

F.V	G.L	C.M
REPETICION	2	120.494764**
GENOTIPOS	26	340.984940 **
ERROR	52	26.94998
C,V		10.55446
MEDIA		49.18617
MAXIMA		70.017
MINIMA		21.410

\*\* Altamente significativo a 0.01; FV= Fuente de Variación; GL= Grados de Libertad; C.M= Cuadrado Medio; C.V= Coeficiente de Variación.

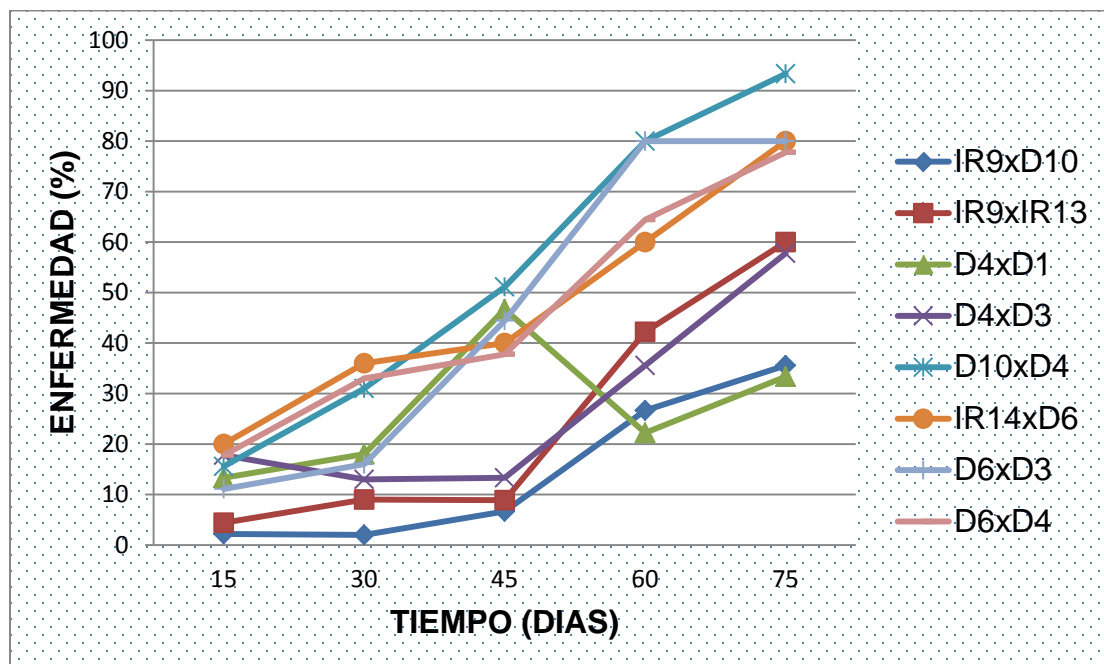
Con respecto al Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (Cuadro 17), indican que la enfermedad progreso más lentamente en algunas cruza que en otras. Encontrando que la cruza con menor nivel de incidencia fue el IR9xD10 con 822 porcentaje por día, seguida del IR9xIR13, D4xD1 y D4xD3 con valores de 1384, 1416 y 1502, considerándose así genotipos moderadamente resistentes al hongo. Las cruza más susceptibles al patógeno fueron el D10xD4, IR14xD6, D6xD3 y D6xD4 con porcentaje por días de 3248, 2784, 2783 y 2750 respectivamente.

Cuadro 17. Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de los veintisiete F<sub>2</sub> a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*.

Cruzas	15-30 días %/días	30-45 días %/días	45-60 días %/días	60-75 días %/días	Total %/días
IR9XD10	33	67	252	470	822
IR9XIR13	100	134	383	767	1384
IR9X1R14	167	334	650	1004	2155
IR9XD4	217	317	533	800	1867
IR9XD3	134	317	683	950	2084
IR9XD1	134	250	550	682	1616
D10XIR13	183	333	617	931	2064
D10XIR14	284	434	617	863	2198
D10XD6	133	317	584	847	1881
D10XD4	350	617	983	1298	3248
D10XD3	284	416	767	1034	2501
D10XD1	284	350	617	867	2118
IR13XIR14	217	334	584	934	2069
IR13XD6	334	500	767	1050	2651
IR13XD4	417	600	750	900	2667
IR13XD3	317	333	550	817	2017
IR13XD1	450	534	667	782	2433
IR14XD6	417	567	750	1050	2784
IR14XD4	233	300	467	800	1800
IR14XD3	267	367	667	917	2218
IR14XD1	300	300	483	783	1866
D6XD4	383	533	767	1067	2750
D6XD3	200	450	933	1200	2783
D6XD1	267	434	734	1017	2452
D4XD3	233	200	367	702	1502
D4XD1	217	334	417	448	1416
D3XD1	233	434	584	683	1934

En la Figura 6, observamos el ABCDE de solamente 8 cruzas  $F_2$ , 4 de ellas consideradas como las más resistentes y 4 las más susceptibles al hongo, en donde se muestra claramente que la craza D10xD4 e IR14 xD6, son las que tuvieron un mayor avance a la enfermedad en el periodo de evaluación, con respecto a las cruzas que tuvieron un menor avance al patógeno son IR9xD10 y D4xD1, lo cual de acuerdo a Van Der Plank (1984) indica un tipo de resistencia poligénica que no bloquea por completo el desarrollo de la enfermedad, sino que permite cierto desarrollo del patógeno, considerándoseles como parcialmente resistentes a dicho hongo.

Figura 6. Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad (ABCDE) de ocho cruzas  $F_2$  a *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*.



### Regresión lineal

Este análisis se realizó con el fin de observar cuál de los dos métodos (Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad y la Tasa de Incremento de la Enfermedad) es más apropiado para estimar el avance de la enfermedad a

*Fusarium oxysporum* f sp. *lycopercici* con respecto a la variable peso seco. En donde se observa (Cuadro 18) para el método ABCDE no presento significancia, esto nos indica que no hay una relación entre este método con respecto a peso seco. En cuanto al método TIE presento diferencias significativas ( $p \leq 0.05$ ), indicando con esto que la variable peso seco es dependiente de la TIE, ya que de manera lógica se puede decir que a mayor tasa de incremento a la enfermedad se espera un menor peso seco en las plantas debido a la incidencia del patógeno.

Cuadro 18. Cuadrados medios y significancia del análisis de regresión lineal en dos métodos para estimar el avance de la enfermedad en el variable peso seco.

F.V	G. L	C.M
ABCDE	1	28.195
ERROR	33	10.868
C.V		37.030
R <sup>2</sup>		0.072
TIE	1	57.467*
ERROR	33	9.981
C.V		35.486
R <sup>2</sup>		0.148

\* Significativo a 0.05; FV= Fuente de Variación; GL= Grados de Libertad; C.M= Cuadrado Medio; ABCDE= Área Bajo la Curva de Desarrollo de la Enfermedad; TIE= Tasa de incremento de la Enfermedad; C.V= Coeficiente de Variación; R<sup>2</sup> = coeficiente de regresión;

En el cuadro anterior se observa que el método que me explica con mayor precisión este experimento en cuanto al desarrollo del hongo con el paso del tiempo es la tasa de incremento de la enfermedad ya que el coeficiente de regresión es mucho mayor al ABCDE teniendo un valor de 14.8% respectivamente.

## V. CONCLUSIONES

Teniendo en cuenta las variables de estudio, existe una gran variabilidad entre los genotipos. La aptitud combinaría general y específica, en la mayoría de los genotipos mostraron características sobresalientes para su selección y avance en la siguiente generación.

Para las variables fenológicas y de rendimiento, con excepción a días a primer corte y días en cosecha los efectos aditivos y de dominancia resultaron altamente significativos, siendo más importantes los efectos aditivos para número de fruto por planta, peso total de fruto por planta, peso promedio de fruto y rendimiento. Con respecto a los efectos de no aditivos los que resultaron más importantes son para días a último corte, número de corte, diámetro polar y diámetro ecuatorial. Esto sugiere un programa de mejoramiento por hibridación para las líneas progenitoras.

Las cruzas que dieron el más alto rendimiento fueron el D4xD3, IR14xD6 e IR13xD4 con 133.03, 124.09 y 115.53 t ha<sup>-1</sup> respectivamente estas cruzas obtuvieron una ACE en la variable rendimiento altamente significativa y significativa ( $P < 0.01$  y  $p \leq 0.05$ ). observando a sus progenitores en esa misma variable, la línea IR9 e IR13 la obtuvieron diferencias estadísticas ( $p \leq 0.05$ ), para los efectos de ACG.

Las líneas y cruzas que mostraron el mayor efecto de ACG y ACE con respecto a rendimiento, podrían ser usadas en programas de mejoramiento genético, diseñada para explotar la acción génica aditiva y dominancia en forma exitosa.

De los 5 aislamientos de Fol de la colección en San Luis Potosí, 3 aislamientos corresponden a la raza 3 de Fol, dos aislamientos fueron de la raza 2 y no se encontró la raza 1. Con una frecuencia del 60 % a raza 3 y un 40 % a la raza 2.

La respuesta a la inoculación de los 8 líneas y 27 cruzas  $F_2$  con *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* indicó diferencia altamente significativas, probablemente a la gran variabilidad genética de cada uno de las líneas, observándose que la gran mayoría resultaron altamente susceptibles.

De los 8 líneas solo el genotipo D3 y D10 mostraron índices de enfermedad de 1283 y 1532 mucho menor a los demás, con respecto a los 27 cruzas el IR9xD10, D4xD1 y D4xD3 mostraron índice de enfermedad de 822, 1416 y 1502 respectivamente que indican un nivel de resistencia parcial, lo cual es apoyado por las curvas de desarrollo de la enfermedad.

El método que explica con mayor precisión la incidencia a la enfermedad de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* es la tasa de incremento de la enfermedad.



## VI. LITERATURA CITADA

- Agrios, G.N., 2004. Plant Pathology. Fourth Ed. Academic Press. New York, USA 635 p.
- Álvarez, Z.R. y Delgadillo, S.F. 2004. Enfermedades del tomate y chile Bell. Pp: 6999. *In*: Sánchez RF, Moreno RJA, Puente MJL y Araiza CJ (eds.). Memorias del IV Simposio Nacional de Horticultura. Invernaderos: Diseño, Manejo y Producción. Torreón, Coahuila, México, octubre 13, 14 y 15 del 2004.
- Apodaca, S.M.A., Zavaleta, M.E. García, E. R., Osada, K.S., Valenzuela, U.J.G. 2004. Hospedantes Asintomáticos de *Fusarium oxysporum* Schleched. F. sp. Radici-lycopersici W.R. Jarvis y Shoemaker en Sinaloa, México. Revista Mexicana de Fitopatología. 22:22-29.
- Ascencio, A.A, López, B.A, Borrego, E.F, Rodríguez, H.S.A, Flores, O.A, Jiménez, D.F y Gómez, V.A.J. 2008. Marchitez vascular del tomate: II. Herencia de la resistencia a la raza 3 de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* (Sacc.) Snyder y Hansen en tres especies del género *Lycopersicon*. Revista Mexicana de Fitopatología 26:180-183.
- Báez, V.E.P, Carrillo, F.J.A, Báez, S.M, García, E.R, Valdez, T.J.B y Contreras, M.R. 2010. Uso de portainjertos resistentes para el control de la fusariosis (*Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* Snyder & Hansen raza 3) del tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill) en condiciones de malla sombra. Revista Mexicana de Fitopatología 28:111-123.
- Baysal O,, Siragusa M., Ikten H., Polat I., Gümrükcü E., Yigit F, Carimi F., and Teixeira da Silva. 2009. *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* races and their genetic discrimination by molecular markers in West Mediterranean region of Turkey. Physiological and Molecular Plant Pathology 74:68-75.
- Booth, C. 1971. The genus *Fusarium*. Commonwealth Mycological Institute. Key, Surrey. England.
- Bost, S. C. 2001. First report of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3 on tomato in Tennessee. Plant Dis. 85:802

- Burrow, M.D., and Coors, J.G. 1994. DIALLEL: a microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. *Agron.J.* 86:154-158.
- Bhon, G.W, y C.M. Tucker. 1940. Studies on *Fusarium* wilt of the tomato. I Immanitu in *Lycopersicon pimpinellifolium* and its Inheritance in Hybrids. *Mo. Agr. Exp. Sta. Res. Bull.* 311.
- Blancard D, Laterrot H, Marchoux G y Candresse T. 2011. Enfermedades del tomate. Identificar, conocer, controlar. Ediciones Mundi-Prensa. España. 680 p.
- Cai, G., Gales. I.R., Shecider, R. W., Kistler, H.C., Davis. R.M., Elias, K.s., and Mryao, E.M. 2003. Origin of race 3 of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* at a single site in California. *Phytopathology* 93:1014-1022.
- Carrillo, F.J.A., Montoya, R.T.J., García, E.R.S., Cruz, O.J.E y Sañudo, B.A.J. 2003. Razas de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* Snyder y Hansen, en tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) en el Valle de Culiacán, Sinaloa, México. *Revista Mexicana de Fitopatología* 21:123-127.
- CATIE. 1990. Guía para el manejo integrado de plagas del cultivo de tomate. Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, CATIE. Programa de Mejoramiento de Cultivos Tropicales. Turrialba, Costa Rica. 138p.
- Chellemi, D.O., Dankers, H.A., y Crosier, B. 1992. First report of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3 en tomato in northwest Florida an Georgia. *Plant Dis.* 76:861.
- Davis, R.M., Kimble, K.A. y Farrar, J.J. 1998. A third race of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* identified in Carolina. *Plant Dis.* 72:453.
- De la Rosa, A., H. De León., G. Martínez y F. Rincón. 2006. Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de maíz adaptados a el bajo mexicano. *Rev. Fitotec. Mex.* 29(3): 247-254.
- Di Pietro and Roncero. 1998. Cloning, expression and role in pathogenicity of *pg1* encoding the major extracellular *endo* polygalacturonase of the vascular wilt pathogen *Fusarium oxysporum*. *Molecular plant-Microbe Interactions* 11:91-98.
- Dorantes, G.J.R.A., Gámez, V.F P., Ávila, P.M.A., Gámez, V.A.J., Ramirez, M.M. 2008. Heterosis para características de fruto en chile jalapeño. 3era. Reunión Nacional de Innovación Agrícola y Forestal. Yucatán, México.

- Domínguez, A., G. 2012. Aislamiento, identificación y distribución de *fusarium* spp. en jitomate cultivado en suelo bajo invernadero. Tesis de Maestría. Instituto politécnico nacional centro de desarrollo de productos bióticos. Morelos, México.
- Elizondo B.J. 2000. Aptitud combinatoria de 13 genotipos de soya en siembra de invernadero en el sur de Tamaulipas. In: Memoria de XVIII Congreso Nacional de Fitogenética. Zavala G. F., Ortega P. R., Contreras J. A., Benítez R. I y Guillen A. eds. Irapuato. Guanajuato. Pp. 84.
- Elkind, Y., A. Gurnick and N. Kedar. 1991. Genetics of semideterminate growth habit in tomato, Hort. Sci. 26(8): 1074 – 1075.
- Escalante, O.M. Farrera, P.R. 2004. Epidemiología del Tizón Tardío (*Phytophthora infestans* Mont de Bray) de la papa en zonas productoras del Estado de Táchira, Venezuela. Bioagro, v.16, p.47-54.
- Espitia, M.M.C., F.A. Vallejo, C., G. Baena G. 2006. Efectos heteróticos y habilidad combinatoria para el rendimiento por planta en *Cucurbita moschata* Duch. Ex. Poir. Rev. Fac. Nal. Agr. Medellín. Vol. 59. No. 1 p 315- 3121.
- Falconer, D.S. 1981. Introducción a la genética cuantitativa. 12ª. Impresión. Editorial CECSA. 430p.
- FAO. 2010. Faostat. Área cosechada, producción y rendimiento de tomate. Cierre de la producción agrícola por cultivo 2008 Documento en línea: <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. Fecha de consulta: Octubre 2012.
- FAO. 2002. El cultivo protegido en clima mediterráneo. Serie: Estudios FAO: Producción y protección vegetal. No. 90. Roma. Italia. 338 p.
- FAOSTAT (En línea) Organización de las Naciones Unidas para Agricultura y Alimentación. (Consultado en octubre del 2012). Disponible en Internet: <http://faostat.fao.org/site/339/default.aspx>
- Fehr, R.W. 1982. Applied plant breeding. Iowa State University. Press. USA. P. 552.
- Fernández-Valiela, M.M. 2001. Introducción a la Fitopatología. INTA. Buenos Aires, Argentina. 518 p.
- Gale, L.R., Katan, T., and Kistler, H.C. 2003. The probable center or origin of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* VCG 033. Plant. Disease 87: 1433-1438

- Gardner, C.O. 1967. Simplified methods for estimating constants and computing sums of squares for a diallel cross analysis. *Fitotecnia Latinoamericana* 4(2); 1-12.
- Gardner, C.O. and S.A. Eberhart 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics* 22: 439-452.
- González, 2011. Principios de bioquímica clínica y patología molecular. Elsevier. España. 488p.
- González Pablo, 2006. Enfermedades del Tomate. Facultad de Agronomía. Montevideo URUGUAY.
- Gutiérrez, R.E; A. Espinosa., A. Palomo., J. Lozano., O. Antuna. 2004. Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la comarca lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 27 (Núm. Esp. 1);7-11.
- Gutiérrez, R E; A. Palomo G.; A. Espinoza B.; E. Cruz L. 2002. Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento de líneas de maíz en la comarca lagunera, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 25(3):271-277.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9: 463-493.
- Guerra, Z. L. 2010. Estimación de aptitud combinatoria general, aptitud combinatoria específica y heterosis en siete líneas de tomate (*Solanum lycopersicum* L). Tesis de Maestría, UAAAN, Saltillo, Coahu., México.
- Hannan, M.M., M.B. Ahmed, M.A. Razvy, R. Karim, M. Khatun, A. Haydar, M. Hossain and U. K. Roy. 2007. Heterosis and correlations of yield and yield components in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.), *American-Eurasian Journal of Scientific Research* 2(2):146-150.
- Hausbeck, Bell, Medina, Podolsky and Fulbright. 2000. Effect of bactericides on population size and spread of *Clavibacter michiganensis* subsp. *michiganensis* on tomatoes in the greenhouse and on disease development and crop yield in the field. *Phytopathology* 90:38-44.
- Hayman, B.I. 1954. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics* 10:235-244
- Haynes, K.G. and Weingartner. D.P. 2004. Use of Area Under the Disease Progress Curve to Assess Resistance to Late Blight in Potato Germplasm. *American Journal of Potato Research.* 81: 137-141 Jones, J. B., Jones, J. P., Stall, R. E., Zitter T. A. 1997. *Compendium of Tomato Diseases.* APS. PRESS. The American Phytopathological Society. p.13-14. USA.

- Hernández, M.H., A.A. García., F. Alvares y M. Ulloa. 2001. Enfoque contemporáneo para el estudio de la biodiversidad. Ediciones científicas universitarias. 1<sup>era</sup> ed. Instituto de biología, UNAM, México, D. F. 88p.
- Hernández, P.M. 2009. Efectos Genéticos en la Resistencia a la Marchitez Causada por *Phytophthora capsici* en Chile (*Capsicum annuum*) y en Caracteres Agronómicos Importantes en Rendimiento. Tesis de Doctorado. UAAAN. Saltillo, Coah., México.
- Hirano, Y. and Arie T. 2006. PCR-based differentiation of *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici* and *radicis-lycopersici* and races of *F. oxysporum* f. sp. *lycopersici*. Journal of General Plant Pathology 72:273-283.
- Holguín, 2005. Fusarium wilt of tomato caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3 in Baja California Sur, México. Plant Disease 89:1360.
- INEGI, 2000. Marco Geoestadístico de los Estados Unidos Mexicanos.
- Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP): 2005. Manejo Integrado del Jitomate en el Estado de San Luis Potosí. Folleto Técnico No. 22., Fundación Produce., 3-5 p.
- ITIS (Integrated Taxonomic Information System). Disponibile en:[http://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search\\_topic=TSN&searchvalue=5\\_21671](http://www.itis.gov/servlet/SingleRpt/SingleRpt?search_topic=TSN&searchvalue=5_21671).(Consultado: noviembre 2012).
- Jeger, M.J. and Viljanen, R.S.L. 2001. The use of the area under the disease progress curve (AUDPC) to assess quantitative disease resistance in crop cultivars. Theoretical and Applied Genetics 2001, 102: 32-40
- Jones, J.P. 1993. *Fusarium* Crown and Root Rot. Pp: 14. In: Jones, J.B, Jones, J.P, Stall, R.E and Zitter, T.A. (eds.). Compendium of Tomato Diseases. Second Printing. The American Phytopathological Society. St. Paul Minnesota, USA. 73p.
- Kinet, J.M and Peet, G. R. 1997. Tomato. In: Wien H.C. ed. The physiology of vegetable crops. CAB International. pp 207-259.
- Macías, F.O.L., Delgado, C.Y., Peña, M.E., León, B.R. y Elías, B.R. 2006. Técnicas para el diagnóstico y determinación de la variabilidad genética de fitopatógenos. Universidad de Matanzas "Camilo Cienfuegos".
- Marlatt, M., J. Correll and P. Kaufman. 1996. Two genetically distinct populations of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* race 3 in the United States. Plant. Dis. 80:1336-1342.

- Martin, J. M., L. E. Talbert, S. P. Lanning and N. K. Blake. 1995. Hybrid performance in wheat as related to parental diversity. *Crop Sci.* 35: 104-108.
- Mendoza, J. V., J. Shagùn, J. Rodríguez, J. Legaria, A. Peña y M. Pérez. 2010. Heterosis intervarietal en jitomate de crecimiento indeterminado tipo saladette. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 16(1): 57-66.
- Mendoza, Z.C. 1996. Enfermedades Fungosas de Hortalizas. Universidad Autónoma Chapingo. Departamento de Parasitología Agrícola. Chapingo, México. 85 págs.
- Miguel, A. 1997. Injerto de hortalizas. Serie Divulgación técnica. Generalitat valenciana. Conselleria de agricultura ,pesca y alimentación. 88 págs.
- Moreira, C., M.A. Echandi, y C.R. Méndez. 2003. Heterosis y habilidad combinatoria en líneas de tomate para mesa (*Lycopersicon esculentum* Mill.) con adaptación a altas temperaturas. *Revista de Agricultura Tropical.* 33:51-58
- Moya C, Álvarez M, Arzuaga J, Ponce M, Plana D, Dueñas F, Rodríguez J y Hernández J. 2006. Evaluación y selección participativa de nuevas líneas de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) en la provincia La Habana. *Cultivos Tropicales* 27:81-85.
- Murray, L. W., I. M. Ray, H. Dong and A. Segovia-Lerma. 2003. Clarification and reevaluation of population-based diallel analyses: Gardner and Eberhart analyses II and III revisited. *Crop Sci.* 43:1930-1937.
- Niks, R.E., Ellis, P.R. & Parlevliet, J.E. 1993. Resistance to parasites. *In* M.D. Hayward, N.O. Bosermark & I. Romagosa, eds. *Plant breeding: principles and prospects*, p. 422-447. London, Chapman & Hall.
- Ortega, 2010. Diagnóstico de hongos fitopatógenos de jitomate y efecto de *Trichoderma asperelum* Tc74 sobre *Fusarium* spp. Tesis de Maestría en Ciencias en Manejo Agroecológico de Plagas y Enfermedades. Centro de Desarrollo de Productos Bióticos. Yautepec, Morelos. 82p.
- Paulus, A.O, 1993. *Fusarium* Wilt. Pp: 15. In: Jones, J.B, Jones, J.P, Stall, R.E and Zitter, T.A. (eds.). *Compendium of Tomato Diseases*. Second Printing. The American Phytopathological Society. St. Paul Minnesota, USA. 73p.
- Peña L., A., J. D. Molina G., J. Ortiz C., S. Cervantes. F. Márquez S. y J. Sahagún C. 1999. Heterosis intravarietal en tomate de cascara (*Physalis ixocarpa* Brot.) *Rev. Fitotec. Mex.* 22: 199-212.

- Peralta, I.E., Spooner, D.M., Knapp, S., & Anderson, C. (2008). *Taxonomy of wild tomatoes and their relatives (Solanum sect. Lycopersicoides, sect. Juglandifolia, sect. Lycopersicon; Solanaceae)*. American Society of Plant Taxonomists.
- Posada, M.L, Patino B, De las Heras A, Mirete S, Vázquez C and González JMT. 2000. Comparative analysis of an *endo* polygalacturonase coding gene in isolates of seven *Fusarium* species. *Mycological Research* 104:1342-1347.
- Ramírez, V.J. y Sáinz, R.R.A. 2006. Manejo integrado de las enfermedades del tomate. Primera edición. Editorial Once Ríos. México.
- Renfro, B.L. 1985. Breeding for disease resistance in tropical maize and its genetic control. In A. Brandolini & F. Salamini, eds. *Breeding strategies for maize production improvement in the tropics*, p. 341-365. Rome, FAO, Florence, Italy, Instituto Agronómico per L'Oltremare.
- Rodríguez, E., A. Carballo, G.A. Baca, A.G. Martínez and M.R. Rosas. 2004. Genetic parameters of mean fruit weight and their components of tomato. *ActHort*. 637:145-148.
- Rodríguez, R.R, Tabares, R.J.M y Medina, S.J.J.A. 1997. Cultivo Moderno del Tomate. Segunda edición. Mundi-Prensa. España. 255p.
- Sánchez, A.D. 2008. Efectos genéticos e interacción genotipo por ambiente en tomate (*lycopersicon esculentum* Mill.) en variables fenológicas, de rendimiento, fisiotécnicas y de calidad. Tesis Doctorado, UAAAN. Saltillo, Coahu., México.
- Sánchez, C.E. C. Pérez, C.M. Cruz, A.E. 2009. Producción de jitomate hidropónico bajo invernadero en un sistema de dosel en forma de escalera, *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 15(1):67-73.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). SAGARPA. 2011. Cierre de la producción agrícola por cultivo 2011. (octubre 2012). Documento en línea: [http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com\\_wrapper&view=wrapper&Itemid=30](http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=30)
- Suresh, K., M.K. Banerjee, S.P. Partap and K. Suresh. 1995. Studies on heterosis for various characters in tomato. *Haryana Journal of Hort. Sci.* 24: 54-60.
- Shaner G, Finney R (1977) the effect of nitrogen fertilization on the expression of slow-mildewing resistance in Knox. *Phytopathology* 67:1051-1056.

- Sheu and Wang 2006. First report of race 2 of *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici*, the causal agent of Fusarium wilt on tomato in Taiwan. Plant Disease 90:111.
- Sierra, M.M., Preciado O.R.E, Alcázar, A.J.J., Rodríguez, M.F.A. 1991. Selección de líneas maíz por su rendimiento y adaptación con base en un patrón heterótico conocido. *In: XXXVII Reunión Anual del PCCMCA*. Panamá, Panamá. pp. 109-116.
- Sprague G. F, L A Tatum 1942. General vs specific combining ability in single-crosses of corn. Amer. Soc. Agron. 43:923-932
- Tirilly, Y., C. Bourgeois. 2002. Tecnología de las hortalizas. Ed. Acribia. Primera Edición. España.
- Tsaftaris, A.S., M. Kafka, A. Polidoros, E. Tani. 1999. Tsaftaris, A. S., Kafka, M., Polidoros, A., & Tani, E. (1999). Epigenetic changes in maize DNA and heterosis. *The Genetics and Exploitation of Heterosis in Crops*, (thegeneticsande), 195-203.
- Van Der Plank, J.E., 1984. Disease Resistance in Plants. Second Edition. Academic Press, Inc. Orlando, San Diego, San Francisco, N. Y., London. p. 194
- Valenzuela, U, J.G., Lawn, D.A., Heisey, R.F., y Guzmán Z.V. 1996. First report of *Fusarium* wilt race 3, caused by *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* of tomato in Mexico. Plant Dis. 80: 105.
- Vallejo, C.F. 2002. Mejoramiento Genético de Plantas. 1ra. Ed. Universidad Nacional de Colombia. Colombia 389 pp.
- Vallejo. C.F.A., Espitia, C., O. Checa, C., T. C. Lagos B., F. Salazar V. y E. Restrepo S. 2005. Análisis estadístico para los diseños genéticos en Fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Impreso en los talleres gráficos de Impresora Feriva S.A. pp. 187, 188 y 192.
- White TJ, Bruns T, Lee S and Taylor J. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics. Pp: 315-322. In: Innis M, Gelfend DH, Sninsky JJ and White TJ (eds.). PCR protocols: A guide to methods and applications. Academic Press, San Diego, California, USA. 461p.
- Xiangning, C., Zehnbaauer, B., Gnrirke, A. y Kwok P. Y, 1997. Fluorescent energy transfer detection as a homogeneous DNA diagnostic method. Proceedings of the National Academy of Sciences, 94(20), 10756-10761.
- Yan W. and Hunt L. A. 2002. Biplot analysis of diallel data. Crop Sci. 42: 21-30.



Zewdie Y, P W Bosland, Steiner 2000. Combining ability and heterosis for capsaicinoids in *Capsicum pubescens*. HortScience 36:1315-1317

Zhang, Y. and Kang, M.S. 2003. Diallel-SAS: A program for Griffing's diallel methods. *In: Handbook of Formulas and Software for Plant Geneticists and Breeders*. M. S. Kang (ed). Food products Press. New York pp: 193-203.

Zhang Y. and M. S. Kang. 1997. Diallel-Sas: A SAS program for Griffing's diallel analyses. Agron. J. 89:176-182.

## VII. APENDICE

A.1 Comparaciones de medias (Pruebas de Tukey) de 8 líneas de tomate y sus 28 cruzas para las variables fenológicas en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v-2012

LÍNEAS	DPC	DUC	DC	NC
D1	80.33 A	100.00 A	19.33 A	6.66 A
D3	80.33 A	100.00 A	19.33 A	6.66 A
D4	82.66 A	100.00 A	17.00 A	6.00 A
D6	79.00 A	100.00 A	21.00 A	7.00 A
D10	79.66 A	100.00 A	20.33 A	6.66 A
IR9	77.66 A	100.00 A	22.33 A	7.66 A
IR13	79.00 A	100.00 A	21.00 A	7.00 A
IR14	77.66 A	100.00 A	22.33 A	7.66 A
<b>CRUZAS</b>				
IR9XD10	79.00 A	100.00 A	21.00 A	6.66 A
IR9XIR13	82.66 A	100.00 A	17.33 A	6.00 A
IR9X1R14	78.33 A	100.00 A	21.66 A	7.33 A
IR9XD6	80.22 A	99.91 A	19.75 A	6.58 A
IR9XD4	80.33 A	100.00 A	19.66 A	6.66 A
IR9XD3	77.66 A	100.00 A	22.33 A	7.66 A
IR9XD1	80.00 A	100.00 A	20.00 A	6.00 A
D10XIR13	77.66 A	100.00 A	22.33 A	7.66 A
D10XIR14	80.33 A	100.00 A	19.66 A	5.66 A
D10XD6	82.66 A	100.00 A	17.33 A	6.00 A
D10XD4	79.66 A	100.00 A	20.33 A	6.66 A
D10XD3	80.33 A	100.00 A	19.66 A	6.66 A
D10XD1	77.00 A	98.00 B	21.00 A	7.66 A
IR13XIR14	80.33 A	100.00 A	19.66 A	6.33 A
IR13XD6	81.00 A	100.00 A	19.00 A	6.66 A
IR13XD4	78.33 A	100.00 A	21.66 A	7.33 A
IR13XD3	79.66 A	99.00 AB	19.33 A	6.66 A
IR13XD1	81.00 A	100.00 A	19.00 A	6.33 A
IR14XD6	79.00 A	99.00 AB	20.66 A	6.33 A
IR14XD4	77.66 A	100.00 A	22.33 A	7.66 A
IR14XD3	78.33 A	100.00 A	21.66 A	7.33 A
IR14XD1	79.66 A	100.00 A	20.33 A	6.33 A
D6XD4	79.00 A	100.00 A	21.00 A	7.00 A
D6XD3	82.66 A	100.00 A	17.33 A	6.00 A
D6XD1	80.33 A	100.00 A	19.66 A	6.66 A
D4XD3	81.00 A	100.00 A	19.00 A	6.33 A
D4XD1	79.00 A	100.00 A	21.00 A	6.50 A
D3XD1	77.66 A	100.00 A	22.33 A	7.00 A

A.2 Comparaciones de medias (Pruebas de Tukey) de 8 líneas de tomate y sus 28 cruzas para las variables de rendimiento en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v-2012.

LÍNEAS	DP	DE	NFPP	PTFPP	PPF	RNDTHA
D1	2.32 B-H	2.37 A-H	12.66 AB	2744 A	241.08 DE	51.97 A
D3	2.19 C-H	2.54 A-E	9.33 AB	3735 A	401.62 A-E	70.73 A
D4	2.05 H	2.30 A-I	10.00 AB	2756 A	285.95 DE	52.20 A
D6	2.10 F-H	2.10 C-I	12.00 AB	3530 A	289.66 DE	66.85 A
D10	2.14 D-H	2.53 A-E	7.33 AB	3887 A	530.38 A-D	73.62 A
IR9	3.13 A	1.84 G-I	12.00 AB	4313 A	359.44 A-E	81.69 A
IR13	2.64 A-G	1.83 G-I	11.00 AB	3600 A	308.13 B-E	68.17 A
IR14	2.84 AB	1.76 I	11.33 AB	3297 A	292.93 DE	62.44 A
<b>CRUZAS</b>						
IR9XD10	2.69 A-E	2.37 A-H	10.66 AB	5333 A	495.31 A-E	101.01 A
IR9XIR13	2.68 A-F	1.88 F-I	8.33 AB	2456 A	277.76 DE	46.51 A
IR9X1R14	2.75 A-C	1.83 G-I	17.00 A	5102 A	297.68 C-E	96.63 A
IR9XD6	2.43 B-H	2.28 A-I	10.94 AB	4332 A	405.10 A-E	82.05 A
IR9XD4	2.24 C-H	2.85 A	7.33 AB	4085 A	532.58 A-D	77.36 A
IR9XD3	2.29 B-H	2.36 A-H	10.66 AB	4576 A	427.03 A-E	86.66 A
IR9XD1	2.54 B-H	2.19 C-I	10.66 AB	2903 A	276.13 DE	54.97 A
D10XIR13	2.71 A-D	1.80 HI	12.66 AB	3632 A	277.01 DE	68.79 A
D10XIR14	2.52 B-H	2.42 A-F	7.66 AB	3781 A	443.31 A-E	71.61 A
D10XD6	2.20 C-H	2.43 A-F	11.66 AB	4881 A	416.11 A-E	92.43 A
D10XD4	2.30 B-H	2.64 A-C	9.33 AB	4362 A	462.47 A-E	82.61 A
D10XD3	2.08 GH	2.45 A-F	9.00 AB	4716 A	518.96 A-D	89.31 A
D10XD1	2.07 GH	2.55 A-E	8.00 AB	3642 A	450.04 A-E	68.98 A
IR13XIR14	2.61 A-H	1.98 E-I	16.00 AB	2553 A	186.35 E	48.36 A
IR13XD6	2.32 B-H	1.89 F-I	13.00 AB	3253 A	255.33 DE	61.60 A
IR13XD4	2.25 C-H	2.23 B-I	17.66 A	6100 A	370.96 A-E	115.53 A
IR13XD3	2.12 E-H	2.44 A-F	14.33 AB	5656 A	404.40 A-E	107.12 A
IR13XD1	2.39 B-H	2.38 A-G	11.33 AB	4569 A	401.26 A-E	86.53 A
IR14XD6	2.75 A-C	2.48 A-E	10.33 AB	6552 A	635.04 AB	124.09 A
IR14XD4	2.47 B-H	2.00 D-I	15.00 AB	5198 A	347.57 B-E	98.45 A
IR14XD3	2.34 B-H	2.56 A-D	10.33 AB	5053 A	493.54 A-E	95.70 A
IR14XD1	2.31 B-H	2.35 A-H	9.33 AB	3648 A	400.70 A-E	69.10 A
D6XD4	2.27 B-H	2.28 A-I	11.00 AB	4849 A	441.41 A-E	91.84 A
D6XD3	2.36 B-H	2.48 A-E	10.00 AB	5009 A	502.69 A-E	94.87 A
D6XD1	2.12 D-H	2.32 A-J	10.66 AB	2988 A	304.16 C-E	56.59 A
D4XD3	2.29 B-H	2.78 AB	10.33 AB	7024 A	679.05 A	133.03 A
D4XD1	2.38 B-H	2.61 A-C	6.00 B	3813 A	623.29 A-C	72.21 A
D3XD1	2.23 C-H	2.55 A-E	11.66 AB	4042 A	329.22 B-E	76.55 A

A.3 Comparaciones de medias (Pruebas de Tukey) de 8 líneas de tomate y 27 F<sub>2</sub> a la inoculación de *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* a través de 75 días de evaluación en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v-2012.

I.E./ DÍAS DESPUÉS DE INOCULACIÓN							
LÍNEAS	MEDIA	15 DÍAS	30 DÍAS	45 DÍAS	60 DÍAS	75 DÍAS	
D1	60.507 AB	8.9	13	13.33	37.78	48.89	
D3	66.420 A	15.6	13	13.33	33.3	40	
D4	53.130 B	15.6	20	20	46.67	60	
D6	51.473 B	6.7	20	31.11	48.89	62.22	
D10	57.760 AB	8.9	13	15.56	42.22	52.33	
IR9	53.130 B	8.9	13	33.33	53.33	60	
IR13	56.140 B	6.7	9	28.89	46.67	55.56	
IR14	53.130 B	20	29	31.11	64.44	60	
<b>CRUZAS</b>							
IR9XD10	69.013 AB	2.2	2	6.66	26.67	35.56	
IR9XIR13	53.130 B-F	4.4	9	8.89	42.22	60	
IR9X1R14	40.557 EF	6.7	16	28.89	57.78	75.56	
IR9XD4	53.130 B-F	11.11	18	24.44	46.67	60	
IR9XD3	47.973 D-F	6.67	11	31.11	60	66.67	
IR9XD1	64.937 A-C	8.89	9	24.44	48.89	42.22	
D10XIR13	43.027 D-F	11.11	13	31.11	51.11	73.33	
D10XIR14	49.740 C-F	11.11	27	31.11	51.11	64.44	
D10XD6	49.740 C-F	4.44	13	28.89	48.89	64.44	
D10XD4	21.410 G	15.56	31	51.11	80	93.33	
D10XD3	46.367 D-F	15.56	22	33.33	68.89	68.89	
D10XD1	53.130 B-F	17.78	20	26.67	55.56	60	
IR13XIR14	40.947 EF	13.33	16	28.89	48.89	75.56	
IR13XD6	38.950 EF	17.78	27	40	62.22	77.78	
IR13XD4	53.130 B-F	15.56	4	40	60	60	
IR13XD3	54.750 A-E	20	22	22.22	51.11	57.78	
IR13XD1	58.650 A-D	24.44	36	35.56	53.33	51.11	
IR14XD6	36.870 FG	20	36	40	60	80	
IR14XD4	49.313 C-F	11.11	20	20	42.22	64.44	
IR14XD3	49.740 C-F	17.78	18	31.11	57.78	64.44	
IR14XD1	53.130 B-F	20	20	20	44.44	60	
D6XD4	38.950 EF	17.78	33	37.78	64.44	77.78	
D6XD3	36.870 FG	11.11	16	44.44	80	80	
D6XD1	40.557 EF	15.56	20	37.78	60	75.56	
D4XD3	54.750 A-E	17.78	13	13.33	35.56	57.78	
D4XD1	70.017 A	13.33	18	46.67	22.22	33.33	
D3XD1	59.250 A-D	11.11	22	24.44	30	35	