

DIVERGENCIAS FENOTÍPICAS Y VARIACIÓN ENTRE ACERVOS GENÉTICOS DE TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) CON BASE EN HETEROGENEIDAD Y AMBIENTE

Cristal A. Guerrero-Ortiz¹, José C. Carrillo-Rodríguez¹, José L. Chávez-Servia², Araceli M. Vera-Guzman², José R. Enríquez-del Valle¹, Elia N. Aquino-Bolaños³, Jimena E. Alba Jiménez³ y Yuri Villegas-Aparicio¹

RESUMEN

Las variedades mejoradas homogéneas presentan escasa diversidad genética; en cambio, las variedades tradicionales poseen alta heterogeneidad en caracteres agronómicos, composición de fruto y se utilizan en mejoramiento genético. El objetivo fue evaluar la variación y divergencia fenotípica de tres grupos de acervos genéticos con diferente magnitud de heterogeneidad, en respuesta a dos ciclos de producción en invernadero. Se sembraron catorce híbridos triples inter-poblacionales, cuatro líneas avanzadas y cuatro híbridos comerciales, bajo un diseño de bloques al azar con cuatro repeticiones. Se evaluó la altura de la planta a los 30, 60, y 90 ddt (días después del trasplante), días a floración, fructificación y maduración del primer y quinto racimo, diámetro polar y ecuatorial, peso medio, número de frutos y rendimiento al quinto racimo. Se realizaron análisis de varianzas y comparación de medias según la prueba Tukey. Entre acervos genéticos fue similar el comportamiento de líneas avanzadas e híbridos inter-poblacionales en altura de planta, caracteres fisiológicos y de fruto, con diferencias significativas favorables respecto a los híbridos comerciales. Entre genotipos, los días a floración, fructificación y maduración de frutos del primer a quinto racimo se incrementaron en el ciclo septiembre 2017-marzo 2018 respecto al ciclo marzo-julio 2017. En la interacción de ciclo-acervo genético, respecto al diámetro ecuatorial, fue sobresaliente la respuesta de los híbridos inter-poblaciones H-76, H-77, H-79, H-90 y H-98 al poseer frutos de tipo riñón. Los resultados señalan que el efecto del ambiente, o ciclos de evaluación, representó la mayor proporción de la varianza fenotípica total, seguida del efecto de grupos de acervos genéticos y genotipos dentro de acervos.

Palabras clave: Híbridos inter-poblacionales, interacción genotipo-ambiente, variabilidad fenotípica

ABSTRACT

Phenotypic divergences and variation between genetic collection of tomato, based on heterogeneity and environment

The homogeneous improved varieties present little genetic diversity; however, the traditional varieties have high heterogeneity in agronomic characters, fruit composition and have been used in genetic improvement. The objective was to evaluate the variation and phenotypic divergence of three groups of genetic populations with different magnitude of heterogeneity, in response to two greenhouse production cycles. Fourteen triple interpopulation hybrids, four advanced lines and four commercial hybrids were sowed under a randomized block design with four replications. The evaluated variables were plant height at 30, 60, and 90 days after transplant (ddt), number of days to flowering, fruiting and maturation of the first and fifth branch, polar and equatorial diameter, average weight, number of fruits and yield to the fifth branch. ANOVA and means comparison by the Tukey test were performed. Among the genetic populations, the behavior of advanced lines and interpopulation hybrids was similar in plant height, physiological and fruit characters, with favorable significant differences with respect to commercial hybrids. Among genotypes, the days to flowering, fruiting and ripening of fruits from the first to fifth branch were higher in the September 2017-March 2018 cycle compared to the March-July 2017 cycle. In the cycle-genetic population interaction, regarding equatorial diameter, the response of the interpopulation hybrids H-76, H-77, H-79, H-90 and H-98 was outstanding when presenting kidney-type fruits. The results indicate that the effect of the environment or evaluation cycles represented the largest proportion of the total phenotypic variance, followed by the effect of groups of genetic populations and genotypes within genetic populations.

Additional keywords: Genotype-environment interaction, interpopulation hybrids, phenotypic variability

INTRODUCCIÓN

Según el SIAP (2021), en México se cultivan anualmente más de 48,2 mil hectáreas de tomate

(*Solanum lycopersicum* L.) con una producción superior a 3,292 millones de toneladas, de las cuales 57,2% se exporta. En Oaxaca, contexto del

Recibido: Agosto 23, 2022

Aceptado: Marzo 14, 2023

¹Instituto Tecnológico del Valle de Oaxaca, Santa Cruz Xoxocotlán, Oaxaca, México.

e-mail: cris_ary13@hotmail.com; jcarrillo_rodriguez@hotmail.com (autor de correspondencia);

jenriquezdelvalle1959@gmail.com; yuri.va@voaxaca.tecnm.mx

²Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Instituto Politécnico Nacional, Unidad Oaxaca, Santa Cruz Xoxocotlán, Oaxaca, México. e-mail: jchavezservia1@yahoo.com;

aracelivera86@yahoo.com

³Universidad Veracruzana, Jalapa, Veracruz, México. e-mail: nora.aquino.b@gmail.com; jimena_tete@hotmail.com

presente trabajo, se cultivan en promedio 843 ha con una producción de 105.340 toneladas y solo una pequeña fracción es de exportación. En el país, las variedades mejoradas que se utilizan son introducidas por empresas comercializadoras de semillas, y regularmente sin registro en el catálogo nacional de variedades vegetales (SAGARPA-SNICS, 2021). Esto indica que el mejoramiento genético de tomate está en las empresas semilleras internacionales, lo que repercute con altos costos para el acceso y para la producción de los pequeños y medianos productores, aunado a la falta producción de semillas en México, lo cual ocurre desde la década de 1980. Se desconoce algún programa de mejoramiento genético del cultivo a pesar de que presenta gran diversidad fenotípica entre y dentro de los genotipos nativos (Chávez et al., 2011). Al respecto, se tiene el Programa de Conservación de los Recursos Fitogenéticos que contempla la caracterización, conservación y uso de diferentes especies (Lobato et al., 2012), con estudios sobre caracterización de genotipos de tomate (Chaudhary et al. 2020; Carrillo et al., 2023), composición de frutos (Figueroa et al., 2018), crecimiento y postcosecha de frutos de genotipos nativos de tomate (Pérez et al., 2020), y genética y química en frutos de tomate (Corrado et al., 2013; Yang et al., 2022).

Por su parte, México y otros países de Latinoamérica son centros de origen, domesticación y diversificación de tomate (Peralta y Spooner, 2007). No obstante, son las regiones de mayor introducción y uso de híbridos intra e interespecíficos, variedades sintéticas y algunas variedades de polinización abierta (Martínez et al., 2017), también está el hecho de que el mercado de semillas es dominado por empresas transnacionales y los países no tienen programas nacionales de mejoramiento genético, y en la reproducción predominan altos porcentajes de autofecundación (Bai y Lindhout, 2007). Estos y otros factores de reproducción, manejo y selección de semilla confieren una reducida diversidad genética de tomate tanto para las exigencias de nuevas variedades mejoradas como la vulnerabilidad o restricciones a presiones bióticas y abióticas por reducción de la diversidad genética (Sacco et al., 2015; Ramírez et al., 2021). Además, hay que considerar que la diversidad genética se erosiona por pérdida del hábitat, prácticas de manejo inadecuadas, entre otras (Mastretta et al., 2019).

Al respecto, existen materiales nativos con alto potencial nutricional y de compuestos funcionales nutraceuticos y agronómico que pueden ser empleados en programas de mejoramiento genético inter-poblacional (Pérez et al., 2020).

En este contexto, la divergencia genética no es lo mismo que la divergencia fenotípica; la base de divergencias o similitudes morfológicas y genotípicas podría considerarse como un sistema genético complejo. También es posible identificar casos en los que ocurre lo contrario cuando las plantas expresan una similitud morfológica considerable, pero son genéticamente muy diferentes (Kozak et al., 2011). Para analizar la diversidad genética de las variedades locales de tomate se tiene que explorar y caracterizar la diversidad a nivel molecular para utilizar estos genotipos (Corrado et al., 2014). El estudio de diversidad fenotípica y genética, es importante para la conservación y valorización del germoplasma o acervos genéticos nativos (Farinon et al., 2022). En este caso, el concepto de diversidad fenotípica se refiere a las similitudes morfológicas en el cultivo de tomate, y la variación refiere a que se tiene una amplia gama de variación de formas de frutos entre y dentro de las variedades nativas, líneas experimentales e híbridos no convencionales y comerciales, entre otras características de calidad de frutos. En este sentido, en el mejoramiento genético de tomate se ha promovido una reducción de la diversidad genética como consecuencia de la concentración de mayor número de genes de acción cuantitativa o cualitativa (homogeneidad) en las actuales variedades mejoradas (Sacco et al., 2015). Al respecto, las variedades tradicionales, antiguas o *heirlooms* con alta heterogeneidad en rendimiento, y características de planta y fruto, son apreciadas por ser fuente importante de compuestos funcionales y se están utilizando para el mejoramiento genético (Cortés et al., 2014; Corrado et al., 2013).

Como estrategia de mejoramiento se ha recurrido a hibridaciones interespecíficas entre tomate cultivado y sus parientes silvestres (Diez y Nuez, 2008; Bauchet y Causse, 2012). Debido a la alta demanda del mercado se hace necesaria la generación de híbridos de tomate a partir de fuentes de germoplasma nativos que cumplan con las exigencias del consumidor, tanto en caracteres

agronómicos como nutricionales y sabor del fruto. Además, que proporcionen variabilidad genética al cultivo, para que mediante la heterogeneidad de las variedades nativas se les confiera a los híbridos capacidad amortiguadora a cambios ambientales y modificación de ciclos biológicos de enfermedades y plagas, que propicien mejoras en la calidad del fruto (Cortés et al., 2014).

En este caso, se planteó evaluar la variación y divergencias fenotípicas de tres grupos de acervos genéticos de tomate *Solanum lycopersicum* L. (líneas avanzadas, híbridos inter-poblacionales e híbridos comerciales) en respuesta a dos ambientes o ciclos de producción en condiciones de invernadero.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material biológico. Como parte de un programa de mejoramiento de tomate a largo plazo en el Instituto Tecnológico del Valle de Oaxaca, se han

incorporado diferentes fuentes regionales de genes y grupos de acervos genéticos. En este trabajo se consideraron tres grupos de acervos genéticos con diferente magnitud de heterogeneidad en función de cruzamiento artificial o autogamia en polinización libre: i) líneas avanzadas (4) por selección en masa en la sexta generación filial (F_6) mediante la identificación de plantas sobresalientes y mezcla de semilla en cada generación; ii) híbrido de triple cruzamiento inter-poblacional de frutos tipo riñón y una línea avanzada que fueron denominados como híbridos inter-poblacionales (14); y iii) a manera de testigos, híbridos comerciales (4), dos de crecimiento indeterminado (CI) y dos de crecimiento determinado (CD), provenientes de las empresas de semillas (Cuadro 1). El orden de heterogeneidad genotípica fue: híbridos inter-poblacionales > híbridos comerciales > líneas avanzadas.

Cuadro 1. Grupos de acervos genéticos evaluados en invernadero durante dos ciclos de cultivo, mediante caracteres de planta, fisiológicos y de fruto

Acervo genético	Genotipos	Genealogía [†]	Tipo o forma de fruto
Híbridos inter-poblacionales	H-76	I-38 x [H-06 (LA-107 x LA-112)]	Riñón
	H-77	I-38 x [H-12 (LA-108 x LA-112)]	Riñón
	H-79	I-38 x [H-22 (LA-110 x LA-112)]	Riñón
	H-80	LA-108 x [H-06 (LA-107 x LA-112)]	Saladette-piriforme
	H-81	LA-108 x [H-12 (LA-108 x LA-112)]	Cuadrado
	H-82	LA-108 x [H-19 (LA-109 x LA-111)]	Bola-riñón
	H-83	LA-108 x [H-22 (LA-110 x LA-112)]	Bola
	H-85	[H-06 (LA-107 x LA-112)] x I-31	Piriforme
	H-86	[H-06 (LA-107 x LA-112)] x I-38	Cuadrado
	H-87	[H-06 (LA-107 x LA-112)] x LA-108	Piriforme
	H-90	[H-12 (LA-108 x LA-112)] x I-38	Saladette-riñón
	H-92	[H-12 (LA-108 x LA-112)] x LA-108	Bola-cuadrado
	H-96	[H-22 (LA-110 x LA-112)] x I-38	Cuadrado-riñón
	H-98	[H-22 (LA-110 x LA-112)] x LA-108	Bola
Híbridos comerciales	Sun 7705	Híbrido comercial (CI)	Saladette
	Cid	Híbrido comercial (CI)	Saladette
	H-ags-15	Híbrido comercial (CD)	Cherry-bola
	H-A8	Híbrido comercial (CD)	Cherry-bola
Líneas avanzadas	LA-107	F_6	Piriforme
	LA-108	F_6	Bola-cuadrado
	LA-110	F_6	Saladette
	LA-113	F_6	Bola

[†]Prefijos; LA = Línea avanzada, I = Muestra poblacional de Istmo de Tehuantepec, H = híbrido, y F_6 = sexta generación filial de selección en masa (selección individual de plantas y mezcla de semilla)

Diseño experimental y manejo agronómico. Los experimentos se realizaron en un invernadero localizado en la Ex-Hacienda de Nazareno, Santa Cruz Xoxocotlán, Oaxaca (17°04' N, 96°43' W),

clima exterior sub-cálido con temperaturas promedio de 21 °C y una altitud de 1530 msnm. La colección de 22 genotipos de tomate se estableció en dos ciclos consecutivos bajo un

diseño de bloques al azar con cuatro repeticiones. El primer ciclo de cultivo transcurrió de marzo 20 a julio 24 de 2017 y el segundo ciclo de septiembre 20 de 2017 a marzo 13 de 2018. Los

aspectos de mayor contraste ambiental fueron las oscilaciones de temperatura y humedad relativa (Cuadro 2).

Cuadro 2. Régimen de temperatura y humedad relativa, máximas y mínimas, en dos ciclos de producción

Ciclo	T _{min} (°C)	T _{max} (°C)	HR _{min} (%)	HR _{max} (%)
1	17,8 ± 0,8	30,9 ± 0,4	39,2 ± 11,3	87,6 ± 3,5
2	9,6 ± 2,7	31,9 ± 5,1	23,6 ± 3,3	72,8 ± 18,3

El trasplante se realizó en camas previamente preparadas con una mezcla de aserrín y estiércol bovino y con una desinfección de Metam-sodio. Se utilizó un sistema de fertirriego con las fórmulas 15-30-15, 18-18-18 y 13-6-40 (N-P-K), y aplicaciones semanales de nitrato de calcio, en conductividades eléctrica de 2 a 3 dS m⁻¹ y pH de 5,5 a 6,5. Las plantas se podaron a un tallo con tutoreo vertical. Para el control de plagas se hicieron aplicaciones de extractos vegetales de Neem (*Azadirachta indica*) en dosis de 2 mL por litro, y para enfermedades mediante sulfato y oxicloruro de cobre, metomilo, benomilo, terramicina agrícola, fluopicolide, propamocarb clorhidratado, clorpirifos etil y fosforotiató.

Entre las variables respuestas evaluadas se incluyeron altura de planta a 30, 60 y 90 días del trasplante, estimaciones de días transcurridos del trasplante a la floración, fructificación y maduración del primero y quinto racimo floral. Entre caracteres descriptivos de fruto fueron diámetro polar y ecuatorial, peso medio, número de frutos por racimo y rendimiento al quinto racimo de frutos de cuatro plantas.

Análisis estadístico Se realizaron análisis de varianza combinado mediante el modelo lineal de bloques completos al azar con anidamientos de repeticiones en ciclos, genotipos en acervos y plantas en repeticiones. Esto último como una estimación del error de muestreo. Además, se realizaron comparaciones mediante la prueba de Tukey ($P \leq 0,05$) entre ciclo, entre grupos de acervos genéticos, genotipos dentro de acervos. Además, de un análisis de componentes principales. Todos los análisis se realizaron en el paquete estadísticos SAS (SAS Inc., 2000).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De acuerdo con el análisis de varianza, se determinaron diferencias altamente significativas

($P \leq 0,05$) entre ciclos de cultivo, excepto en número de frutos por racimo y para el promedio de grupos de acervos de la mayoría las variables, excepto la altura de planta a 60 días del trasplante. Se estimaron diferencias significativas entre genotipos dentro de grupos de acervos genéticos para todas las variables evaluadas (Cuadro 3).

Las varianzas de mayor magnitud fueron las debidas a ciclos, acervos genéticos y genotipos, lo que indica un fuerte efecto del ambiente sobre caracteres de planta, fisiológicos y de fruto. Asimismo, se presentan los mayores coeficientes de variación en altura de planta y variables de fruto asociados al rendimiento (Cuadro 3).

Los resultados muestran que los ciclos de cultivo 1 y 2 influyeron significativamente en la variabilidad de los caracteres evaluados. En el primer caso, las oscilaciones térmicas promedio estuvieron entre 17 y 31 °C (Cuadro 2), las que están dentro de los promedios adecuados para el desarrollo y crecimiento del cultivo de tomate (Chaves y Gutiérrez, 2017), mientras que en el segundo caso, hubo una primera fase con mínimas inferiores a 10 °C, lo que influye en aspectos fisiológicos de la planta (Sánchez et al., 2015). A esto se atribuye que en el ciclo 1 se presentó un mayor crecimiento de planta, mayor precocidad a floración, fructificación y maduración de frutos, y consecuentemente mayores valores en caracteres de fruto y rendimiento por planta (Cuadro 4). Es decir, el material es sensible en su desarrollo reproductivo a oscilaciones térmicas extremas principalmente por debajo de su temperatura mínima de crecimiento, porque además se alarga el ciclo de cultivo. Al respecto, hay varias fuentes de información sobre la ubicación geográfica de especies de tomate; además, se han identificado patrones geográficos y ecológicos de algunas especies del género *Solanum* mostrando patrones específicos en su distribución dentro de los tipos de clima identificados (Ramírez et al., 2021).

Una de las hipótesis centrales del presente trabajo fue que la heterogeneidad u homogeneidad de los tres acervos genéticos determinan su respuesta al cultivo. En este sentido, los patrones fueron diferentes para cada grupo de variables; por ejemplo, al mes del trasplante los híbridos comerciales (testigos) presentaron mayor crecimiento, pero a los tres meses fueron inferiores a las líneas avanzadas e híbridos inter-poblacionales. No obstante, los híbridos comerciales fueron más precoces en aspectos

fisiológicos de días a floración, fructificación y maduración de frutos, que las líneas e híbridos inter-poblacionales experimentales. Por las características divergentes de los acervos, el diámetro polar de fruto fue ligeramente mayor en líneas avanzadas, pero en diámetro ecuatorial y peso medio de fruto, fueron mayores los híbridos triples, sin embargo, las líneas avanzadas y testigos, presentaron ligeramente mayor número de frutos por racimo y mayor rendimiento 1,79 a 1,89 kg por planta⁻¹ al quinto racimo (Cuadro 4).

Cuadro 3. Significancia de cuadrados medios del análisis de varianza en caracteres de planta, fisiológicos, de fruto y rendimiento, en dos ciclos de cultivo.

Variables	Ciclos (C)	Rep./C ¹	Acervos (A)	Genotipos (G)/A ¹	CV (%)
Altura a 30 ddt ¹ (m)	643,16**	27,3**	73,3**	14,03**	16,9
Altura a 60 ddt (m)	392,88**	31,3**	519,3 ^{ns}	100,2**	15,8
Altura a 90 ddt (m)	523,48**	60,9*	1019,4**	219,04**	18,8
Días a floración 1 ^{er} racimo	1238,2**	37,4**	198,7**	35,4**	7,8
Días a fructificación 1 ^{er} racimo	7884,0**	13,9 ^{ns}	137,5**	27,7**	6,6
Días a maduración 1 ^{er} racimo	65383,5**	72,0**	201,2**	42,0**	3,9
Días a floración 5 ^{to} racimo	21352,1**	92,2**	286,6**	41,03**	4,5
Días a fructificación 5 ^{to} racimo	30690,0**	79,5**	347,5**	48,7**	5,6
Días a maduración 5 ^{to} racimo	44045,1**	87,0**	262,5**	36,4**	3,03
Diámetro polar (cm)	56,28**	32,8 ^{ns}	328,8**	146,8**	18,9
Diámetro ecuatorial (cm)	8,63*	30,6*	51,56**	26,8**	14,3
Número de frutos por racimo	1,74 ^{ns}	40,2**	406,2**	157,6**	22,5
Rendimiento al 5 ^{to} racimo/planta (kg)	963,4**	2001,4**	10743**	2060,0**	25,8
Peso promedio de fruto (g)	6446,84**	839,5 ^{ns}	8875,5**	1874,7**	28,4

ddt: días después del trasplante; ¹Indica anidamiento de repeticiones en ciclos y de genotipos en acervos; ns:No significativo ($P>0,05$); *Significativo a $P\leq 0,05$; **Significativo a $P\leq 0,01$; CV: coeficiente de variación

El comportamiento de los acervos muestra que puede haber complementariedad; la selección en masa de líneas avanzadas, aunque más homogéneas, compitieron en caracteres de fruto con los híbridos. En este sentido, Sánchez et al. (2015) en la evaluación de 25 genotipos, señalan que será necesario seguir evaluando a estos genotipos a fin de que se vayan fijando los genes involucrados en la expresión de las variables de rendimiento, fisiológicas y de calidad.

La variación dentro de los acervos genéticos fue sobresaliente en el sentido que revela las características de los genotipos. Por ejemplo, entre los híbridos comerciales (testigos) destacaron Sun 7705 y Cid de crecimiento indeterminado, con alturas de planta superiores a 2,19 m, y también los dos materiales de crecimiento determinado H-Ags-15 con una altura no mayor 0,88 m y H-A8 con 1.55 m. Las líneas avanzadas e híbridos inter-

poblacionales, también se comportaron como de crecimiento indeterminado, de 1,67 a 2,07 m y de 1,71 a 2,06 m, respectivamente.

En este sentido, los híbridos inter-poblacionales con hombros o costillas “tipo riñón”, tienen una mayor ventaja en los mercados locales debido a una mejor preferencia en la cocina tradicional (Ríos et al., 2014). Además, estos frutos tienen mayor calidad de postcosecha de acuerdo con las observaciones realizadas a la consistencia del fruto (Magallanes et al., 2020; Carrillo et al., 2023).

En dimensiones de peso de fruto y número de frutos por racimo los híbridos inter-poblacionales de tomate tipo saladette o riñón, compiten con los híbridos comerciales. Estos resultados concuerdan con las características de genotipos nativos del estado de Puebla obtenidos por Pérez et al. (2020). Aunque en rendimiento de frutos, dos de los

híbridos comerciales fueron ligeramente superiores y similares a las líneas avanzadas (Cuadro 5). Estos resultados muestran que, en cuanto a rendimiento, todavía se requiere incrementar la presión de selección.

Los acervos genéticos fueron afectados significativamente por el ciclo de cultivo. En los tres tipos de acervos genéticos, en el ciclo de noviembre 2017 a marzo de 2018 (ciclo 2), todos los caracteres se afectaron severamente. Los resultados mostraron que las temperaturas

mínimas por debajo de 15 °C afectaron aspectos fisiológicos de la planta como en este caso la floración, la fructificación y la maduración. De acuerdo con Ilahy et al. (2016), la calidad funcional del tomate está fuertemente influenciada por factores ambientales y genéticos. El crecimiento y desarrollo de las plantas, también se ve muy afectado por la serie de cambios morfológicos, bioquímicos y fisiológicos, resultantes del estrés por bajas o altas temperaturas (Fahad et al., 2017).

Cuadro 4. Divergencias fenotípicas entre ciclos de cultivo y entre acervos genéticos, en caracteres de planta, fisiológicos, de fruto y rendimiento

VARIABLES EVALUADAS	Ciclo 1 2017	Ciclo 2 2017-18	Híbridos interpob.	Híbridos comerciales	Líneas avanzadas
Altura a 30 ddt ¹ (m)	0,58 A	0,36 B	0,41 c	0,52 a	0,42 b
Altura a 60 ddt (m)	1,53 A	0,98 B	1,22 a	1,21 a	1,23 a
Altura a 90 ddt (m)	2,21 A	1,60 B	1,89 a	1,77 b	1,91 a
Días a floración ¹ 1 ^{er} racimo	33,3 B	39,4 A	36,6 b	33,8 c	38,21 a
Días a fructif, 1 ^{er} racimo	39,1 B	54,0 A	46,6 ab	45,7 c	47,43 a
Días a madurac, 1 ^{er} racimo	80,1 B	127,6 A	105,8 a	96,4 b	104,3 a
Días a floración 5 ^{to} racimo	58,0 B	88,6 A	73,9 b	62,3 c	76,9 a
Días a fructif, 5 ^{to} racimo	63,8 B	101,2 A	82,9 b	68,3 c	88,3 a
Días a madurac, 5 ^{to} racimo	102,9 B	152,3 A	130,2 a	103,3 b	130,7 a
Diámetro polar (cm)	6,4 A	6,0 B	6,2 b	5,9 b	6,5 a
Diámetro ecuatorial (cm)	5,2 A	5,1 B	5,3 a	5,0 b	4,8 c
Núm frutos/ racimo	4,5 A	4,5 A	4,2 b	5,1 a	4,9 a
Rend al 5 ^{to} rac/pta (kg)	1,85A	1,71B	1,73 b	1,89 a	1,79 ab
Peso promedio de fruto (g)	83,8 A	76,4 B	83,3 a	71,3 b	72,7 b

ddt: días después del trasplante. Letras mayúsculas para comparaciones entre ciclos y minúsculas entre grupos de acervos genéticos. Medias con la misma letra no difieren significativamente según la prueba de Tukey ($P \leq 0,05$)

Durante el crecimiento vegetativo, el efecto del ambiente o ciclo de cultivo fue marcadamente diferente entre genotipos y acervos genéticos. Los híbridos comerciales fueron más precoces que las líneas avanzadas e híbridos inter-poblacionales. De estos hechos se desprende que, las temperaturas mínimas por debajo de 10 °C, afectaron significativamente las etapas fenológicas de los genotipos en proceso de mejoramiento y debe considerarse para futuras evaluaciones o criterios de selección. Es decir, ampliar las evaluaciones a diferentes condiciones ambientales de cultivo para evaluar su estabilidad ambiental. Cabe señalar, que cada especie vegetal tiene sus propias temperaturas máximas, óptimas y mínimas, denominadas temperaturas cardinales, por lo que temperaturas por debajo o por encima de estos umbrales provocan estrés (Chaudhary et al., 2020). Además, los acervos genéticos siguen

creciendo y desarrollándose, pero no con la velocidad esperada en condiciones óptimas y tampoco llegan a expresar su potencial productivo, se puede inferir que existen diferentes mecanismos reguladores que podrían estar involucrados en la tolerancia al frío (Caffagni et al., 2014).

En el análisis de componentes principales (CP) se observa que las variables asociadas en el componente principal 1 (99.8 %), fueron la altura de planta a 60 y 90 días después del trasplante, peso medio de fruto y rendimiento al quinto racimo, donde estuvieron relacionados con los valores más altos dos de los híbridos comerciales (Sun-7705 y Cid). Al respecto, compitieron los híbridos inter-poblacionales y líneas avanzadas, además, se observa un patrón de agrupamiento por sus características agromorfológicas. En cambio, en el componente 2 (0,1 %) las variables

asociadas fueron la altura de planta a los 60 y 90 días después del trasplante, días a floración y peso medio de fruto. En este CP2, los híbridos inter-poblacionales estuvieron más relacionados con los valores más altos de peso medio de fruto, similar a tres de las líneas avanzadas. También, se muestra en los extremos con valores bajos una línea avanzada y dos de los acervos comerciales (Figura 1).

En la interacción ciclos de cultivo y genotipos (C x G), se observaron efectos relevantes sobre el crecimiento y desarrollo de las plantas dentro de cada acervo genético. En altura de planta a 30 días del trasplante (ddt) se observó que los híbridos comerciales Cid y Sun 7705 presentaron un mayor vigor (>60 cm), y los híbridos inter-poblacionales H-81 y H-77 fueron semejantes a Sun 7705. Es decir, en la fase inicial de ambos ciclos, estos

genotipos respondieron favorablemente sin que se vieran afectados. Posteriormente, a 60 y 90 ddt se destacaron también Sun 7705 y Cid como plantas de mayor altura. En contraste, los híbridos inter-poblacionales y las líneas avanzadas se comportaron estables, aunque con menor altura de planta, y en la Figura 2, se visualizan como un bloque compacto que presenta un crecimiento exponencial al pasar de 30 a 60 y a 90 ddt. Este efecto es un indicador que las líneas avanzadas e híbridos inter-poblacionales, por la respuesta agronómica lograron estabilidad productiva, por lo tanto, aporta elementos competitivos, comparten grupos semejantes de genes como era de esperarse ya que estos últimos tienen en su genealogía a las líneas avanzadas (Cuadro 1).

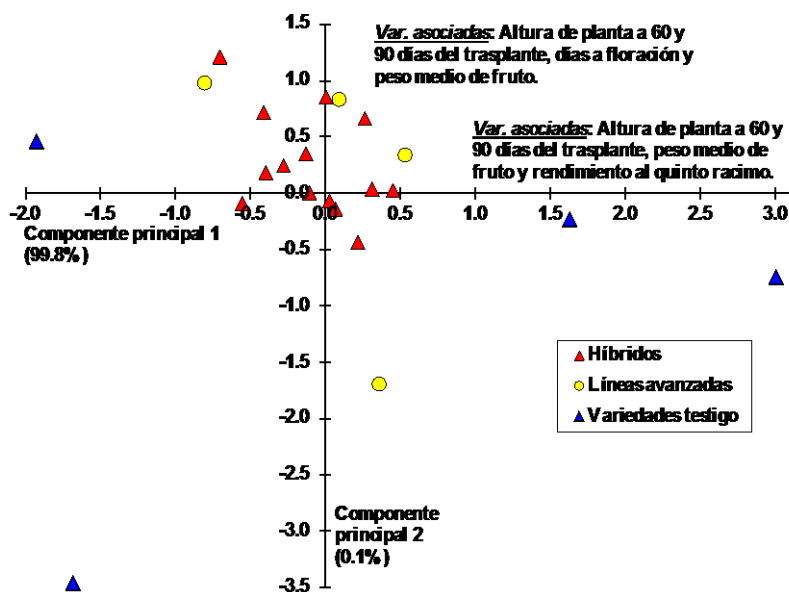


Figura 1. Dispersión de genotipos de tres acervos genéticos de tomate en función de los dos primeros componentes principales

En el diámetro ecuatorial de frutos fue sobresaliente la respuesta de los híbridos inter-poblacionales H-76, H-77, H-79, H-90 y H-98, los que compitieron con Cid y Sun 7705 (>5,4 cm), (Figura 2). Estos híbridos referidos son los que tienen una forma arriñonada y con hombros o costillas, semejantes a los comercializados como nativos o criollos en los mercados regionales de Oaxaca, y se diferencian relativamente fácil de los comerciales tipo Saladette porque presentan formas redondas achatadas o piriformes con costillas (Ríos et al., 2014; Bonilla et al., 2014). En rendimiento y número de frutos por planta, los

híbridos comerciales Cid y Sun 7705 presentaron los mayores rendimientos en ambos ciclos de producción, y en el extremo opuesto los otros híbridos comerciales H-Ags-15 y H-A8, de crecimiento determinado y entre esos dos extremos las líneas avanzadas e híbridos inter-poblacionales (Figura 2). Los resultados muestran que las mayores expresiones fenotípicas en caracteres de interés agronómico se expresaron en relación a los rangos de temperatura. Es de señalar, que la heterogeneidad de los híbridos inter-poblacionales ejercieron un efecto amortiguador a los cambios ambientales porque

fueron estables en ambos ciclos de producción y un patrón semejante presentaron las líneas avanzadas. Es decir, pueden estar involucrados genes candidatos potenciales para mejorar la

tolerancia al frío del tomate cultivado (Caffagni et al., 2014). Además, podrían hacer una contribución significativa a la mejora genética del tomate (Liu et al., 2020)

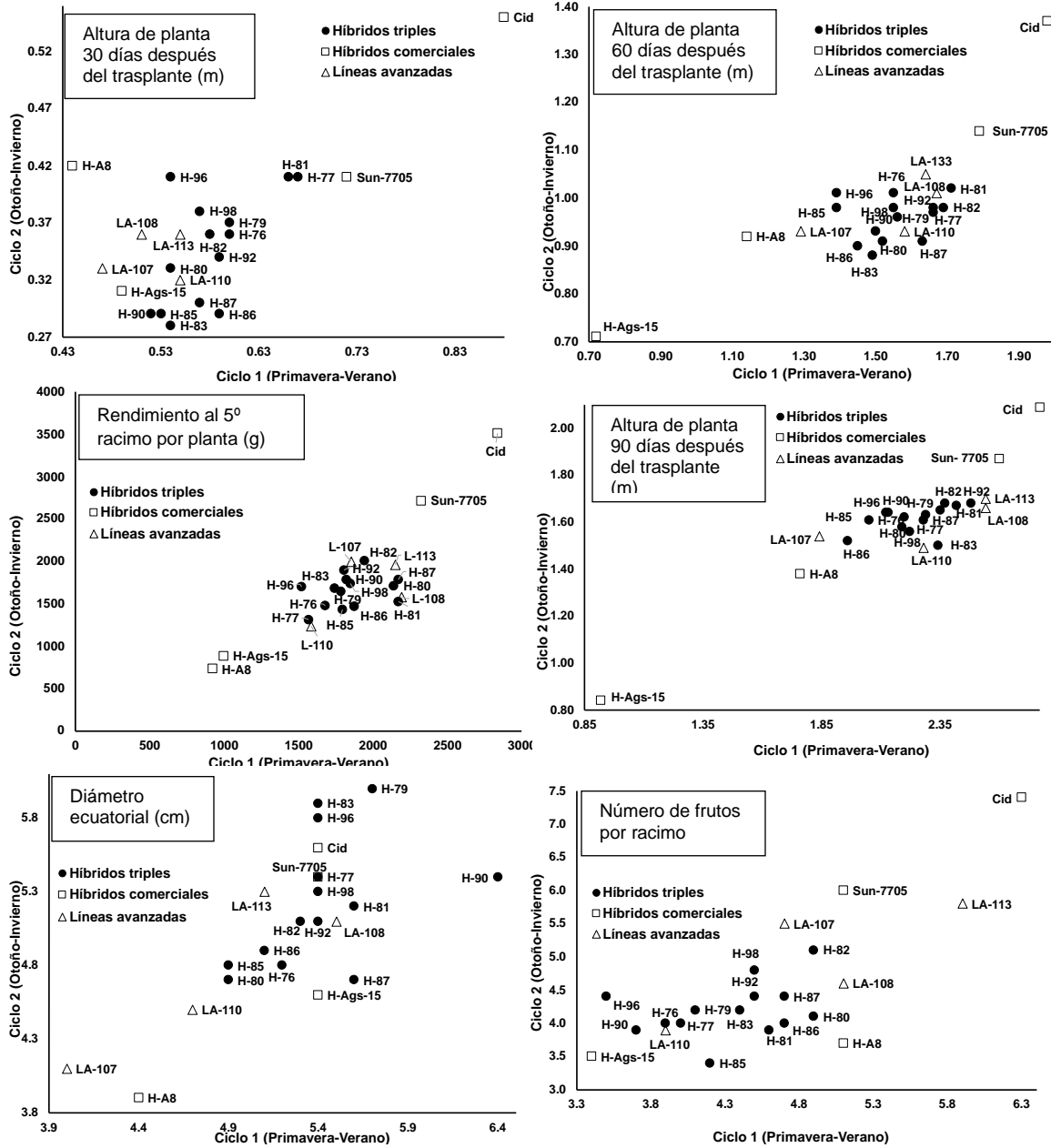


Figura 2. Dispersión de genotipos de tomate en respuesta a la interacción con los ciclos de evaluación en invernadero, en función de altura de planta, diámetro de fruto, número de frutos por racimo y rendimiento por planta

Cuadro 5. Variación en caracteres de planta, fisiológicos, de fruto y rendimiento, entre grupos de acervos genéticos y entre genotipos dentro de cada grupo de híbridos inter-poblacionales, híbridos comerciales y líneas avanzadas de tomate, en dos ciclos de cultivo.

Genotipo	Altura de planta (m)			Días desde el trasplante hasta						Diámetro (cm)		Núm. frutos/ rac	Rend. 5 ^{to} rac/pta	Peso medio fruto (g)
	30 ddt ¹	60 ddt	90 ddt	Florac. 1 ^{er} rac.	Fructif. 1 ^{er} rac.	Madur. 1 ^{er} rac.	Florac. 5 ^{to} rac.	Fructif. 5 ^{to} rac.	Madur. 5 ^{to} rac.	Polar	Ecuatorial			
H-76	² 0,47cde	1,25cdef	1,89cde	37,1abc	51,7abc	106,7abcd	73,6bcde	80,2ef	130,7abc	6,7bcd	5,0efg	4,0ghij	1,556def	82,7abc
H-77	0,52bc	1,28cdef	1,90cde	37,3abc	45,8de	102,0cdef	73,7bcde	80,2ef	129,6bc	5,2g	5,4abcde	4,0ghij	1,410ef	73,0bcd
H-79	0,47cde	1,22cdefg	1,91cde	36,5abc	46,7de	101,5def	72,3de	79,8f	129,0bc	5,2g	5,8a	4,2fghij	1,700cdef	81,2abc
H-80	0,42efg	1,18cdefg	1,85cde	36,1abc	47,5cde	104,5bcde	73,3cde	82,7cdef	137,3a	7,2bc	4,8fg	4,4efghi	1,872cd	86,7abc
H-81	0,52bcd	1,33bc	2,00bc	34,7bcd	45,0de	101,0efg	74,3abcde	81,7def	133,1abc	6,3cdef	5,4abcde	4,2fghij	1,765cdef	84,7abc
H-82	0,46ef	1,29bcde	1,97bcd	37,1abc	45,1de	101,3def	73,5cde	80,2ef	127,6bc	5,4fg	5,2bcdef	5,0cde	1,986cd	80,7abc
H-83	0,40fg	1,15fgh	1,87cde	38,6ab	47,0de	104,2bcde	74,6abcde	81,7def	131,0abc	5,6efg	5,6ab	4,3efghi	1,709cdef	82,8abc
H-85	0,40fg	1,16efg	1,81cdef	38,3ab	49,2bcd	108,2ab	76,6abc	86,1abcde	132,2abc	7,1bc	4,8fg	3,8ji	1,566def	88,3abc
H-86	0,42efg	1,15fgh	1,71def	37,6abc	47,2cde	109,0ab	74,8abcd	85,1cdef	128,0bc	7,0bc	5,0defg	4,3efghi	1,622cdef	79,4abc
H-87	0,42efg	1,23cdefg	1,96bcd	36,8abc	44,8de	106,0abcde	75,3abcd	81,2def	126,2c	6,9bc	5,1cdef	4,5defgh	1,928cd	86,1abc
H-90	0,39g	1,18defg	1,86cde	36,5abc	46,5de	109,0ab	74,1abcde	84,1cdef	127,8bc	6,3cdef	5,9a	3,8hij	1,800cdef	96,2a
H-92	0,45efg	1,28cdef	2,06bc	35,5abcd	45,8de	109,2ab	71,1e	83,3cdef	129,7bc	6,0defg	5,2bcdef	4,4defgh	1,862cde	85,5abc
H-96	0,47cde	1,18defg	1,85cde	36,7abc	46,0de	109,1ab	73,2cde	91,1ab	132,1abc	6,3cde	5,6abc	4,1fghij	1,632cdef	81,6abc
H-98	0,46de	1,23cdefg	1,85cde	33,6cde	43,7e	110,1a	73,8bcde	82,8cdef	128,8bc	5,4fg	5,4abcd	4,7defg	1,778cdef	77,6abcd
Sun 7705	0,55b	1,43ab	2,19ab	29,6e	37,0f	95,6gh	63,5f	68,2g	103,5d	7,1bc	5,4abcde	5,6bc	2,571b	91,0abc
Cid	0,70a	1,64a	2,39a	31,3de	38,1f	93,5h	61,1f	68,3g	103,1d	7,5ab	5,5abcd	7,0a	3,260a	93,9ab
HAgS-15	0,39g	0,72i	0,88g	35,5abcd	52,7ab	98,3fgh	-	-	-	5,3g	5,0defg	3,5j	0,928gh	57,2de
H-A8	0,43efg	1,01h	1,55f	38,8ab	55,0a	98,3fgh	-	-	-	3,6h	4,2hi	4,2fghij	0,804h	43,2e
LA-107	0,39g	1,09gh	1,67ef	38,2ab	47,0de	104,5bcde	77,6a	86 abcdef	126,1c	8,1a	4,0i	5,2bcd	1,948cd	75,0abcd
LA-108	0,43efg	1,30bcde	2,05bc	36,7abc	46,2de	101,0efg	76,2abc	86,8abcd	131,0abc	6,0defg	5,3bcdef	4,8def	1,812cdef	75,8abcd
LA-110	0,42efg	1,23cdefg	1,85cde	39,5a	48,6bcd	107,2abc	76,6abc	88,5abc	134,1ab	6,8bcd	4,6gh	3,9ghij	1,365fg	70,3cd
LA-113	0,44efg	1,31bcd	2,07bc	38,3ab	47,8cde	104,6abcde	77,1ab	92,0a	131,7abc	5,3g	5,2bcdef	5,8b	2,031c	69,6cd
DSH-Tukey	0,1	0,2	0,3	4,8	5,2	6,3	4,2	7,0	8,6	1,0	0,5	0,8	0,5	24,6

¹ddt: días después del trasplante. ²En fila, media con la prueba de Tukey ($P \leq 0,05$)

CONCLUSIONES

El efecto del ciclo de evaluación representó la mayor proporción de la varianza fenotípica total, seguida del efecto de acervos genéticos y genotipos dentro de acervos genéticos. Entre ciclos de cultivo las plantas mostraron mayor crecimiento y su floración, fructificación y maduración de frutos ocurrió en menos días y los tamaños de fruto y rendimiento, fueron mayores en comparación con el segundo ciclo donde se presentaron en los primeros meses temperaturas mínimas inferiores a 10 °C. Entre acervos genéticos, hubo comportamiento semejante en líneas avanzadas e híbridos inter-poblacionales, en altura de planta, caracteres fisiológicos y de fruto, con diferencias significativas respecto a los híbridos comerciales.

Entre genotipos se determinaron diferencias significativas en todos los caracteres evaluados. En particular, las líneas avanzadas mostraron mayor homogeneidad en la mayoría de caracteres excepto rendimiento de frutos al quinto racimo. En el caso de los testigos (híbridos comerciales), Sun-7705 y Cid fueron superiores en rendimiento, más precoces y de crecimiento indeterminado.

En la interacción ciclo de cultivo-acervos genéticos se estimó más tiempo en alcanzar la floración, fructificación y maduración de frutos en el segundo ciclo (noviembre 2017 a marzo 2018) en líneas avanzadas e híbridos inter-poblacionales que en los híbridos comerciales. En la interacción ciclos-genotipos, los testigos Cid y Sun-7705 presentaron mayores alturas de planta a 30, 60 y 90 días después del trasplante, número de frutos por planta y rendimiento al quinto racimo. En aspectos fisiológicos fue extrema la respuesta entre híbridos inter-poblacionales y líneas avanzadas por un lado y los híbridos comerciales en un extremo opuesto principalmente por el efecto del segundo ciclo de evaluación. En el primer caso, los genotipos no presentaron efecto amortiguador a temperaturas mínimas inferiores a 10 °C durante los primeros meses de cultivo y parte de la respuesta semejante es producto de estar emparentados.

Es importante para la conservación y explotación del germoplasma nativo, continuar con en proceso de mejoramiento de los acervos genéticos (híbridos inter-poblacionales y líneas avanzadas) para que puedan ser utilizados por los

pequeños y medianos productores en el sistema tradicional de tomate de las diferentes regiones del país.

AGRADECIMIENTO

A los graduandos del Instituto Tecnológico del Valle de Oaxaca, año 2018, quienes utilizaron parte de los resultados de esta investigación en sus trabajos de grado de licenciatura, y aportaron conocimientos para mejorar la preparación del manuscrito

LITERATURA CITADA

1. Bai, Y. y P. Lindhout. 2007. Domestication and breeding of tomatoes: What have we gained and what can we gain in the future? *Annals of Botany* 100: 1085-1094.
2. Bauchet, G. y M. Causse. 2012. Genetic diversity in tomato and its wild relatives. *In: M. Caliskan (ed.). Genetic Diversity in Plants. Intech, Rijeka, Coatia. pp: 133-162.*
3. Bonilla-Barrientos, O., R. Lobato-Ortiz, J.J. García-Zavala, S. Cruz-Izquierdo, D. Reyes-López, E. Hernández-Leal y A. Hernández-Bautista. 2014. Diversidad agronómica y morfológica de tomates arriñonados y tipo pimienta de uso local en Puebla y Oaxaca, México. *Fitotecnia Mexicana* 37: 129-139.
4. Caffagni, A., N. Pecchioni, E. Francia, D. Paganì y J. Milc. 2014. Candidate gene expression profiling in two contrasting tomato cultivars under chilling stress. *Biologia Plantarum* 58(2): 283-295.
5. Carrillo-Rodríguez, J.C., N. Sosa-Hernández, A.M. Vera-Guzmán y J.L. Chávez-Servia. 2023. Diversidad biocultural de tomate nativo en Oaxaca, México. *Herbario CICY* 15: 18-23.
6. Chaudhary, S., P. Devi, A. Bhardwaj, U.C. Jha, K.D. Sharma, P.V.V. Prasad et al. 2020. Identification and characterization of contrasting genotypes/cultivars for developing heat tolerance in agricultural crops: current status and prospects. *Frontiers in Plant Science* 11: 587264.
7. Chaves-Barrantes, N.F. y M.V. Gutiérrez-Soto. 2017. Respuestas al estrés por calor en los cultivos, I. Aspectos moleculares, bioquímicos y fisiológicos. *Agronomía Mesoamericana* 28 (1): 237-256.
8. Chávez-Servia, J.L., J.C. Carrillo-Rodríguez, A.M. Vera-Guzmán, E. Rodríguez-Guzmán y R. Lobato-Ortiz. 2011. Utilización actual y

- potencial del jitomate silvestre mexicano. Ed. Unidad Oaxaca del Instituto Politécnico Nacional e Instituto Tecnológico del Valle de Oaxaca, México. 72 p.
9. Corrado, G., P. Piffanelli, M. Caramante, M. Coppola y R. Rao. 2013. SNP genotyping reveals genetic diversity between cultivated landraces and contemporary varieties of tomato. *BMC Genomics* 14: 835.
 10. Corrado, G., M. Caramante, P. Piffanelli y R. Rao. 2014. Genetic diversity in Italian tomato landraces: Implications for the development of a core collection. *Scientia Horticulturae* 168: 138-144.
 11. Cortés-Olmos, C., M. Leiva-Brondo, J. Rosello, M.D. Raigon y J. Cebolla-Cornejo. 2014. The role of traditional varieties of tomato as sources of functional compounds. *Journal of Science of Food and Agriculture* 94: 2888-2904.
 12. Diez, M.J. y F. Nuez. 2008. Tomato, *In*: J. Prohens and F. Nuez (eds.). *Hanbook of Plant Breeding, Vegetables II, Fabaceae, Liliaceae, Solanaceae and Umbelliferae*, Vol. 2, Springer, New York. pp: 249-323.
 13. Fahad, S., A.A. Bajwa, U. Nazir, S.A. Anjum, A. Farooq, A. Zohaib et al. 2017. Crop production under drought and heat stress: plant responses and management options. *Frontiers in Plant Science* 8: 1147.
 14. Farinon, B., M.E. Picarella, F. Siligato, R. Rea, P. Taviani y A. Mazzucato. 2022. Phenotypic and genotypic diversity of the tomato germplasm from the Lazio region in central Italy, with a focus on landrace distinctiveness. *Frontiers in Plant Science* 13: 931233.
 15. Figueroa-Cares, I.E., O. Cruz-Alvarez, M.T. Martínez-Damián, J.E. Rodríguez-Pérez, M.T. Colinas-León y S. Valle-Guadarrama. 2018. Calidad nutricional y capacidad antioxidante en variedades y genotipos nativos de jitomate (*Solanum lycopersicum* L.). *Revista de la Facultad de Agronomía (LUZ)* 35: 63-84.
 16. Ilahy, R., M.W. Siddiqui, I. Tlili, G. Piro, M.S. Lenucci y C. Hdider. 2016. Functional quality and colour attributes of two high-lycopene tomato breeding lines grown under greenhouse conditions. *Turkish Journal of Agriculture–Food Science and Technology* 4(5): 365-373.
 17. Kozak, M., J. Bocianowski, A. Liersch, M. Tartanus, I. Bartkowiak-Broda, F.A. Piotto y R.A. Azevedo. 2011. Genetic divergence is not the same as phenotypic divergence. *Mol. Breeding* 28: 277-280.
 18. Liu, D., L. Yang, J.Z. Zhang, G.T. Zhu, H.J. Lu, Y.Q. Lu et al. 2020. Domestication and breeding changed tomato fruit transcriptome. *Journal of Integrative Agriculture* 19(1): 120-132.
 19. Lobato-Ortiz, R., E. Rodríguez-Guzmán, J.C. Carrillo-Rodríguez, J.L. Chávez-Servia, P. Sánchez-Peña y A. Aguilar-Meléndez. 2012. Exploración, colecta y conservación de recursos genéticos de jitomate: Avances en la red de jitomate. *Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI)*. 54 p.
 20. Magallanes-López, A.M., M.T. Martínez-Damián, J. Sahagún-Castellanos, L.J. Pérez-Flores, I.M. Marín-Montes y J.E. Rodríguez-Pérez. 2020. Calidad postcosecha de 40 poblaciones de tomate nativas de México. *Agrociencia* 54: 779-795.
 21. Martínez-Vázquez, E., A. Hernández-Bautista, R. Lobato-Ortiz, J.J. García-Zavala y D. Reyes-López. 2017. Exploring the breeding potential of Mexican tomato landraces. *Scientia Horticulturae* 220: 317-325.
 22. Mastretta-Yanes, A., M.R. Bellon, F. Acevedo, C. Burgeff, D. Piñero, y J. Sarukhán. 2019. Un programa para México de conservación y uso de la diversidad genética de las plantas domesticadas y sus parientes silvestres. *Fitotecnia Mexicana* 42(4): 321-334.
 23. Peralta, I.E. y D.M. Spooner. 2007. History, origin and early cultivation of tomato (*Solanaceae*), *In*: K. Razdan and A.K. Mattoo (eds.). *Genetic Improvement of Solanaceous Crop*, Vol. 2: Tomato. Science Publishers. Enfield, New Hampshire, USA. pp: 1-24.
 24. Pérez-Díaz, F., M.L. Arévalo-Galarza, L.J. Pérez-Flores, R. Lobato-Ortiz, y M .E. Ramírez-Guzmán. 2020. Crecimiento y características postcosecha de frutos de genotipos nativos de tomate. *Fitotecnia Mexicana* 43(1): 89-99.
 25. Ramírez-Ojeda, G., I.E. Peralta, E. Rodríguez-Guzmán, J.L. Chávez-Servia, J. Sahagún-Castellanos, y J.E. Rodríguez-Pérez. 2021. Climatic diversity and ecological descriptors of wild tomato species (*Solanum* sect, *Lycopersicon*) and close related species (*Solanum* sect, *Juglandifolia* y sect, *Lycopersicoides*) in Latin America. *Plants* 10: 855.

26. Ríos-Osorio, O., J.L. Chávez-Servia y J.C. Carrillo-Rodríguez. 2014. Producción tradicional y diversidad de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) nativo: un estudio de caso en Tehuantepec-Juchitán, México. *Agricultura, Sociedad y Desarrollo* 11(1): 35-51.
27. Sacco, A., V. Ruggieri, M. Parisi, G. Festa, M. Rigano, M. Picarella, A. Mazzucato y A. Barone. 2015. Exploring a tomato landraces collection for fruit-related traits by the aid of a high-throughput genomic platform. *PLOS One* 10(9): e0137139.
28. Sánchez-Aspeytia, D., F. Borrego-Escalante, V.M. Zamora-Villa, J.D. Sánchez-Chaparro y F. Castillo-Reyes. 2015. Estimación de la interacción genotipo-ambiente en tomate con el modelo AMMI. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 6(4): 763-778.
29. SAGARPA-SNICS (Secretaría de Agricultura Ganadería Desarrollo rural Pesca y Alimentación- Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas). 2021. Catálogo Nacional de Semillas Vegetales. México. 42 p.
30. SIAP (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). 2021. Estadísticas de Producción Agrícola. México. <http://infosiap,siap,gob.mx:8080/agricola.siap.gob.mx/ResumenProducto,d o, 2021> (consulta de marzo 2021).
31. Yang, J., B. Liang, Y. Zhang, Y. Liu, S. Wang, Q. Yang et al. 2022. Genome-wide association study of eigenvectors provides genetic insights into selective breeding for tomato metabolites. *BMC Biol.* 20: 1-16.