

Genetic diversity within wild species of *Solanum*

Diversidad genética dentro de especies silvestres de *Solanum*

Luis Antonio Flores-Hernández¹; Ricardo Lobato-Ortiz^{1*};
Dora María Sangerman-Jarquín²; J. Jesús García-Zavala¹;
José D. Molina-Galán¹; Mario de Jesús Velasco-Alvarado¹;
Iván Maryn Marín-Montes¹

¹Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Carretera México-Texcoco km 36.5, Montecillo, Texcoco, México, C. P. 56230, MÉXICO.

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Valle de México. Carretera Los Reyes-Texcoco km 13.5, Coatlinchán, Texcoco, México, C. P. 56250, MÉXICO.

*Corresponding author: rlobato@colpos.mx, tel. (595) 20 200 ext. 1534.

Abstract

Cultivated tomato (*Solanum lycopersicum* L.) has undergone a reduction in its genetic base as a result of the processes of modern domestication and breeding, which has been extensively documented by molecular markers in different genotypes, both nationally and internationally. Faced with this situation, some plant breeders in Mexico have proposed making use of native Mexican germplasm, as well as of the genetic variation present in wild species related to the cultivated tomato. The aim of this study was to characterize agronomically, under greenhouse conditions, accessions of five wild relatives of the cultivated tomato for their incorporation into breeding programs of this vegetable. In addition, it is expected to reduce its vulnerability to climate change and adverse biotic and abiotic factors. The species described were *Solanum pennellii* L., *Solanum pimpinellifolium* L., *Solanum peruvianum* L., *Solanum chilense* R. and *Solanum habrochaites* S. The accessions were evaluated under greenhouse conditions under a completely randomized experimental design with four replications. Twelve traits of agronomic interest were evaluated to describe the variation between the accessions of each one of the evaluated species, which were studied by analysis of variance and comparison of means. The results showed high significance among the accessions of each one of the evaluated species for all the traits. The above shows that there is a high potential in each of the accessions of the species studied to exploit them genetically in the improvement of the cultivated tomato.

Keywords: *Solanum pennellii* L., *Solanum pimpinellifolium* L., *Solanum peruvianum* L., *Solanum chilense* R., *Solanum habrochaites* S.

Resumen

El jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) ha sufrido reducción de su base genética durante los procesos de domesticación y mejoramiento genético moderno, lo que ha sido documentado ampliamente mediante marcadores moleculares en diferentes genotipos, tanto a nivel nacional como internacional. Ante esta situación, en México algunos fitomejoradores han planteado hacer uso de germoplasma nativo mexicano, así como de la variación genética presente en especies silvestres emparentadas con el jitomate cultivado. El objetivo del presente trabajo fue caracterizar agrónomicamente, en condiciones de invernadero, accesiones de cinco parientes silvestres del jitomate para su incorporación en programas de mejoramiento genético de esta hortaliza. Además, con ello se espera reducir su vulnerabilidad frente al cambio climático y a factores bióticos y abióticos adversos. Las especies descritas fueron *Solanum pennellii* L., *Solanum pimpinellifolium* L., *Solanum peruvianum* L., *Solanum chilense* R. y *Solanum habrochaites* S. Las accesiones se evaluaron en condiciones de invernadero bajo un diseño experimental completamente al azar con cuatro repeticiones. Se evaluaron 12 variables de interés agrónómico para describir la variación existente entre las accesiones de cada una de las especies evaluadas, las cuales se estudiaron mediante análisis de varianza y comparación de medias. Los resultados mostraron alta significancia entre las accesiones de cada una de las especies evaluadas para todas las variables. Lo anterior demuestra que existe un elevado potencial en cada una de las accesiones de las especies estudiadas para aprovecharlas genéticamente en el mejoramiento del jitomate cultivado.

Palabras clave: *Solanum pennellii* L., *Solanum pimpinellifolium* L., *Solanum peruvianum* L., *Solanum chilense* R., *Solanum habrochaites* S.

Please cite this article as follows (APA 6): Flores-Hernández, L. A., Lobato-Ortiz, R., Sangerman-Jarquín, D. M., García-Zavala, J. J., Molina-Galán, J. D., Velasco-Alvarado, M. J., & Marín-Montes, I. M. (2018). Genetic diversity within wild species of *Solanum*. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 24(2), 85-96. doi: 10.5154/r.rchsh.2017.08.030



Revista Chapingo
Serie Horticultura

Introduction

The wild relatives of the cultivated tomato (*Solanum lycopersicum* L.) are distributed in Ecuador, Peru, northern Chile and the Galapagos Islands (Peralta & Spooner, 2001), but Mexico is considered as its center of domestication (Jenkins, 1948; Peralta & Spooner, 2007; Rick & Fobes, 1975; Rodríguez et al., 2011). Wild tomatoes grow in diverse habitats, from those found at sea level to almost 3,300 masl (Rick, 1973; Taylor, 1986).

The species evaluated in this work have a wide distribution. *Solanum pennellii* L. grows in western Peru; its habitats are not evenly dispersed, but they are grouped along streams in the west of the country, usually between 500 and 1,500 masl (Rick, 1973). *Solanum pimpinellifolium* L. is distributed along the coasts of Peru and Ecuador and has been used frequently in tomato breeding. The natural distribution area of *Solanum peruvianum* L. is mainly Peru, where it ranges from the west coast in the Andes to northern Chile (Chetelat, Pertuze, Faundez, Graham, & Jone, 2009). *Solanum chilense* R. is found mainly in southern Peru to the north of Chile, from 0 to 3,000 masl. The last species studied, *Solanum habrochaites* S., is located from southwestern Ecuador to the southern part of Peru, between 500 and 3,300 masl (Spooner, Peralta, & Knapp, 2005).

The evolution of the wild relatives of the tomato to the cultivated one resulted in an increase in productivity, but at the same time to a reduced genetic base of the present varieties (Ladizinsky, 1998); therefore, cultivated varieties have been negatively affected by biotic and abiotic factors. To counteract this situation, the use of native germplasm or wild relatives is required for the introgression of new allelic combinations of tomatoes to increase their productivity, quality, resistance or tolerance to biotic and abiotic factors (Cervantes-Moreno, Rodríguez-Pérez, Carrillo-Fonseca, Sahagún-Castellanos & Rodríguez-Guzmán, 2014; Fernie, Tadmor, & Zamir, 2006; Foolad, 2007; Gur & Zamir, 2004; Hernández-Bautista, Lobato-Ortiz, Cruz-Izquierdo, García-Zavala, & Chávez-Servia, 2014; Hernández-Bautista et al., 2015; Marín-Montes, Rodríguez-Pérez, Sahagún-Castellanos, Hernández-Ibañez, & Velasco-García, 2016).

Some authors indicate that the genetic diversity obtained from the tomato's wild relatives is 95 %, while in the cultivated tomato only 5 % is obtained (Miller & Tanksley, 1990). Currently, one of the strategies in tomato breeding is to use the diversity that was lost during the domestication processes of the current varieties (Zamir, 2001); this diversity must be found in its wild relatives. Therefore, the aim of this work was to characterize agronomically, under greenhouse conditions, accessions of five wild relatives of the

Introducción

Los parientes silvestres del jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) se encuentran distribuidos en Ecuador, Perú, el norte de Chile y las islas Galápagos (Peralta & Spooner, 2001), pero México es considerado como su centro de domesticación (Jenkins, 1948; Peralta & Spooner, 2007; Rick & Fobes, 1975; Rodríguez et al., 2011). Los jitomates silvestres crecen en diversos hábitats, desde aquellos que se encuentran a nivel del mar hasta casi 3,300 msnm (Rick, 1973; Taylor, 1986).

Las especies evaluadas en este trabajo tienen una distribución amplia. *Solanum pennellii* L. crece al oeste de Perú; sus hábitats no se dispersan de manera uniforme, pero se agrupan en las orillas de los arroyos del oeste del país, preferentemente entre los 500 y 1,500 msnm (Rick, 1973). *Solanum pimpinellifolium* L. se distribuye a través de las costas de Perú y Ecuador, y ha sido utilizado frecuentemente en el mejoramiento genético del jitomate. El área natural de distribución de *Solanum peruvianum* L. es principalmente Perú, donde está extendido desde la costa oeste en los Andes hasta el norte de Chile (Chetelat, Pertuze, Faundez, Graham, & Jone, 2009). *Solanum chilense* R. se encuentra principalmente en el sur de Perú hasta el norte de Chile, desde 0 a 3,000 msnm. La última especie estudiada, *Solanum habrochaites* S., se localiza desde el suroeste de Ecuador hasta la parte sur de Perú, entre los 500 y 3,300 msnm (Spooner, Peralta, & Knapp, 2005).

La evolución de los parientes silvestres del jitomate hasta el cultivado dio lugar al aumento de la productividad, pero al mismo tiempo a la reducción de la base genética de las variedades actuales (Ladizinsky, 1998); por ello, las variedades cultivadas se han visto afectadas negativamente por factores bióticos y abióticos. Para contrarrestar esta situación, se requiere el uso de germoplasma nativo o parientes silvestres para la introgresión de nuevas combinaciones alélicas de jitomate que incrementen su productividad, calidad, resistencia o tolerancia a factores bióticos y abióticos (Cervantes-Moreno, Rodríguez-Pérez, Carrillo-Fonseca, Sahagún-Castellanos & Rodríguez-Guzmán, 2014; Fernie, Tadmor, & Zamir, 2006; Foolad, 2007; Gur & Zamir, 2004; Hernández-Bautista, Lobato-Ortiz, Cruz-Izquierdo, García-Zavala, & Chávez-Servia, 2014; Hernández-Bautista et al., 2015; Marín-Montes, Rodríguez-Pérez, Sahagún-Castellanos, Hernández-Ibañez, & Velasco-García, 2016).

Algunos autores señalan que la diversidad genética obtenida a partir de los parientes silvestres del jitomate es de 95 %; mientras que en el jitomate cultivado únicamente se tiene 5 % (Miller & Tanksley, 1990). Actualmente, una de las estrategias en el mejoramiento genético del jitomate es emplear la diversidad que se perdió durante los procesos de domesticación de las

tomato for their incorporation into breeding programs of this vegetable.

Materials and methods

This research was carried out at the Colegio de Postgraduados, Montecillo Campus, Texcoco, State of Mexico (19° 27' North latitude and 98° 54' West longitude, 2,246 masl), in the greenhouses of the graduate school's Program for the Conservation and Improvement of the Genetic Resources of the Tomato in Mexico. In total, 39 accessions of five wild species related to the cultivated tomato (Figures 1, 2, 3, 4 and 5, Table 1), provided by the Tomato Genetics Resource Center (TGR) of the University of California, Davis, USA, were evaluated.

variedades actuales (Zamir, 2001), dicha diversidad se debe encontrar en sus parientes silvestres. Por lo tanto, el objetivo de este trabajo fue caracterizar agrónomicamente, en condiciones de invernadero, accesiones de cinco parientes silvestres del jitomate para su incorporación en programas de mejoramiento genético de esta hortaliza.

Materiales y métodos

La presente investigación se realizó en instalaciones del Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Texcoco, Estado de México (19° 27' latitud norte y 98° 54' longitud oeste, a 2,246 msnm), en los invernaderos del Programa de Conservación y Mejoramiento de los Recursos Genéticos del Jitomate en México del Colegio



Figure 1. *S. pimpinellifolium* L. accession LA0373

Figura 1. *S. pimpinellifolium* L. accesión LA0373



Figure 3. *S. habrochaites* S. accession LA2409

Figura 3. *S. habrochaites* S. accesión LA2409



Figure 2. *S. peruvianum* L. accession LA1365

Figura 2. *S. peruvianum* L. accesión LA1365



Figure 4. *S. pennellii* L. accession LA1272

Figura 4. *S. pennellii* L. accesión LA1272



Figure 5. *S. chilense* R. accession LA2759

Figura 5. *S. chilense* R. accesión LA2759

Table 1. Species, accessions and origin of collections evaluated in this research.**Cuadro 1. Especies, accesiones y origen de genotipos evaluados en la investigación.**

Species/Especie	Accession/ Accesión	Origin of the collection/ Origen de la colecta	Accession/ Accesión	Origin of the collection/ Origen de la colecta
<i>S. pennellii</i> L.	LA2580	Valle de Casma, Ancash, Perú	LA1272	Pisaquera, Lima, Perú
	LA0716	Atico, Arequipa, Perú	LA1277	Trapiche, Lima, Perú
	LA1367	Santa Eulalia, Lima, Perú		
<i>S. pimpinellifolium</i> L.	LA1584	Jayanca de La Vina, Lambayeque, Perú	LA0373	Culebras núm. 1, Ancash, Perú
	LA1689	Castilla núm. 1, Piura, Perú	LA0442	Sechin, Ancash, Perú
	LA1237	Atacames, Esmeraldas, Ecuador	LA1576	Manchay, Alta Lima, Perú
	LA1593	Puente Chao, La Libertad, Perú		
<i>S. peruvianum</i> L.	LA2172	Cuyca, Cajamarca, Perú	LA0446	Atiquipa, Arequipa, Perú
	LA1982	Huallanca, Ancash, Perú	LA1346	Casmiche, La Libertad, Perú
	LA1677	Fundo Huadquina, Topara, Ica, Perú	LA1336	Atico, Arequipa, Perú
	LA1973	Yura, Arequipa, Perú	LA1274	Pacaibamba, Lima, Perú
	LA1360	Pariacoto, Ancash, Perú	LA1365	Caranquillo, Ancash, Peru
	LA0103	Cajamarquilla, Lima, Perú	LA2152	San Juan #1, Cajamarca, Perú
<i>S. habrochaites</i> S.	LA2409	Miraflores, Lima, Perú	LA1223	Alausi, Chimborazo, Ecuador
	LA1731	Río San Juan, Huancavelica, Perú	LA1777	Río Casma, Ancash, Perú
	LA2650	Ayabaca, Piura, Perú	GH0810	
	LA2158	Río Chotano, Cajamarca, Perú	LA2167	Cimentario, Cajamarca, Perú
<i>S. chilense</i> R.	LA2930	Guatacondo, Tarapaca, Chile	LA1958	Pampa de la Clemesi, Moquegua, Perú
	LA2750	La Despreciada, Antofagasta, Chile	LA2778	Chapiquina, Tarapaca, Chile
	LA1960	Río Osmore, Moquegua, Perú	LA2748	Soledad, Tarapaca, Chile
	LA2759	Tarapaca, Chile		

A completely randomized experimental design was used with four replicates of ten plants each. Sowing was carried out on May 28, 2014, and the transplant (to 12-L polyethylene bags), 36 days after sowing. As substrate, volcanic sand (red tezontle) was used. The plants were irrigated with the nutrient solution proposed by Steiner (1984) at 25 % during the vegetative stage, at 50 % in flowering and at 100 % during fruit ripening. Additionally, Confidor® (imidacloprid) and Ampligo® (50 lambda cyhalothrin + 100 chlorantraniliprole) were used for the control of whitefly (*Bemisia tabaci* Gennadius), Captan® 50 plus (carboxamide) and Ridomil Gold® (metalaxyl-m + chlorothalonil) for late blight (*Phytophthora infestans*), and Amistar® (azoxystrobin) for early blight (*Alternaria solani*).

de Postgraduados. Se evaluaron 39 accesiones de cinco especies silvestres emparentadas con el jitomate cultivado (Figuras 1, 2, 3, 4 y 5, Cuadro 1), las cuales fueron proporcionadas por el *Tomato Genetics Resource Center* (TGRC) de la *University of California, Davis, USA*.

Se usó un diseño experimental completamente al azar con cuatro repeticiones de diez plantas cada una. La siembra se realizó el 28 de mayo de 2014, y el trasplante (a bolsas de polietileno de 12 L), 36 días después de la siembra. Como sustrato se usó arena volcánica (tezontle rojo). Las plantas se regaron con la solución nutritiva propuesta por Steiner (1984) a 25 % durante la etapa vegetativa, a 50 % en floración y a 100 % durante la madurez de frutos. Adicionalmente, se usó Confidor®

According to the tomato descriptors manual of the International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI, 1996), 12 traits were evaluated: days to flowering (DF), days to maturity (DM), leaf length (LL, cm), leaf width (LW, cm), stem diameter (SD, cm), number of flowers per cluster (FC), cluster length (CL, cm), fruit weight (FW, g), fruit length (FL, cm), fruit width (FWi, cm), total soluble solids (TSS, °Brix) and number of seeds per fruit (SF). For the measurement of SD, FL and FWi, a Truper® digital standard and millimeter Vernier caliper was used. The LL, LW, CL traits were measured with a Truper® model FH-3M flexometer. The FW was obtained with an Ohaus® model SP2001 digital scale. An ATAGO® model PAL-1 digital refractometer with a range of 0.0 to 53.0 °Brix was used to evaluate TSS.

Average, range, coefficients of variation and standard deviation were calculated for each variable. Likewise, analysis of variance and Tukey's range test ($P \leq 0.05$) were performed with the Statistical Analysis System package (SAS Institute Inc., 2002). These tests were carried out in order to determine if there are significant statistical differences within the species evaluated and identify those accessions that had the highest and lowest parameters.

Results and discussion

The traits with the greatest variation among species were DF, FW and SF, with 45.57, 62.30 and 62.57 %, respectively. By contrast, those with the smallest variation were DM, FL, FWi and TSS with 14.70, 16.78, 18.07 and 17.82 %, respectively (Table 2).

In *Solanum pennellii* L. the traits with the greatest variation were FW, TSS, SF and FC with 27.87, 18.42, 16.22 and 15.48 %, respectively (Table 2). Likewise, significant statistical differences were observed ($P \leq 0.05$) among accessions in DM, LL, SD, FW, SF and TSS (Table 3). These differences are the product of the ecological niche and adaptability of the accessions to each of the environments. In spite of the above, the accessions of *S. pennellii* were the ones with the least variation with respect to the other species, which agrees with the findings reported by Rick and Tanksley (1981), who found that *S. pennellii* L. has stable and less variable characteristics between individuals and accessions.

Accessions LA2580 and LA0716 showed self-compatibility by presenting less variability with respect to the rest of the evaluated accessions, which presented self-incompatibility, in DF (2.7 %), SD (1.7 %), CL (1.6 %) and TSS (1 %) (Table 3). This agrees with what was reported by Mercer and Perales (2010), who indicate that the genetic variation of individuals is influenced by the type of reproduction, since individuals who

(imidacloprid) y Ampligo® (50 lambdacihalotrina + 100 clorantraniliprole) para el control de mosca blanca (*Bemisia tabaci* Gennadius), Captan® 50 plus (carboxamida) y Ridomil Gold® (metalaxil-m + clorotalonil) para tizón tardío (*Phytophthora infestans*), y Amistar® (azoxistrobina) para tizón temprano (*Alternaria solani*).

De acuerdo con el manual de descriptores del tomate del *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI, 1996) se evaluaron 12 variables: días a floración (DF), días a la madurez (DM), longitud (LH, cm) y ancho de hoja (AH, cm), diámetro de tallo (DT, cm), número de flores por racimo (FR), longitud del racimo (LR, cm), peso de fruto (PF, g), longitud del fruto (LF, cm), ancho de fruto (AF, cm), sólidos solubles totales (SST, °Brix) y número de semillas por fruto (SF). Para la medición del DT, LF y AF se empleó un vernier digital standard y milimétrico marca Truper®. Las variables LH, AH, LR se midieron con un flexómetro marca Truper® modelo FH-3M. El PF se obtuvo con una balanza digital marca Ohaus®, modelo SP2001. Para evaluar los SST se usó un refractómetro digital marca ATAGO® modelo PAL-1 con un rango 0.0 a 53.0 °Brix.

Para cada variable se calculó promedio, rango, coeficientes de variación y desviación estándar. Asimismo, se realizaron análisis de varianza y comparación de medias de Tukey ($P \leq 0.05$) con el paquete *Statistical Analysis System* (SAS Institute Inc., 2002). Lo anterior con la finalidad de determinar si existen diferencias estadísticas significativas dentro de las especies evaluadas e identificar aquellas accesiones que tuvieran los parámetros más altos y bajos.

Resultados y discusión

Las variables con mayor variación entre especies fueron DF, PF y SF, con 45.57, 62.30 y 62.57 %, respectivamente. En contraste, las de menor variación fueron DM, LF, AF y SST con 14.70, 16.78, 18.07 y 17.82 %, respectivamente (Cuadro 2).

En *Solanum pennellii* L., las variables con mayor variación fueron PF, SST, SF y FR con 27.87, 18.42, 16.22 y 15.48 %, respectivamente (Cuadro 2). Asimismo, se observaron diferencias estadísticas significativas ($P \leq 0.05$) entre accesiones en el DM, LH, DT, PF, SF y SST (Cuadro 3). Dichas diferencias son producto del nicho ecológico y adaptabilidad de las accesiones a cada uno de los ambientes. Pese a lo anterior, las accesiones de *S. pennellii* fueron las de menor variación con respecto a las otras especies, lo que concuerda con lo reportado por Rick y Tanksley (1981), quienes encontraron que *S. pennellii* L. posee características estables y menos variables entre individuos y accesiones.

Table 2. Descriptive statistics among and within species for the traits evaluated.
Cuadro 2. Estadísticas descriptivas entre y dentro de especies para las variables evaluadas.

		DF ¹	DM	LL/ LH	LW/ AH	SD/ DT	FC/ FR	CL/ LR	FW/ PF	FL/LF	FWi/ AF	TSS/ SST	SF
General	m	26.96	82.64	24.63	14.54	0.95	18.97	23.09	2.53	1.34	1.57	7.14	94.52
	sd	12.29	12.15	7.48	4.19	0.19	5.62	8.22	1.57	0.22	0.28	1.27	59.14
	r	42.00	50.00	32.00	17.70	0.98	22.00	34.40	7.10	1.23	1.40	4.80	217.30
	cv	45.57	14.70	30.36	28.81	19.88	29.60	35.60	62.30	16.78	18.07	17.82	62.57
<i>S. pennellii</i> L.	m	33.30	88.80	20.54	12.42	1.19	13.78	25.32	2.58	1.34	1.76	8.10	197.00
	sd	1.37	8.53	2.44	0.81	0.07	2.18	1.17	0.72	0.05	0.05	1.49	31.95
	r	3.60	20.00	5.60	1.90	0.17	5.80	3.00	2.00	0.10	0.10	3.20	84.00
	cv	4.13	9.60	11.87	6.50	5.48	15.84	4.63	27.87	4.09	3.11	18.42	16.22
<i>S. pimpinellifolium</i> L.	m	13.86	62.57	19.27	11.79	0.98	15.86	14.21	1.40	1.21	1.34	7.11	26.44
	sd	1.86	13.29	2.07	1.98	0.15	3.72	5.34	0.27	0.07	0.16	1.06	8.91
	r	5.00	32.00	5.40	5.50	0.36	10.00	14.00	0.70	0.20	0.40	2.80	22.00
	cv	13.45	21.24	10.74	16.81	15.28	23.43	37.57	19.34	5.68	12.05	14.84	33.71
<i>S. habrochaites</i> S.	m	43.00	92.88	36.49	20.76	0.97	21.75	16.88	2.94	1.43	1.71	7.91	84.25
	sd	7.25	4.79	6.43	4.25	0.07	3.24	2.80	1.76	0.21	0.28	1.41	29.97
	r	25.00	15.00	18.40	12.00	0.23	8.00	7.50	5.40	0.70	0.90	3.80	80.00
	cv	16.86	5.16	17.61	20.48	7.16	14.90	16.59	59.94	14.89	16.35	17.84	35.57
<i>S. peruvianum</i> L.	m	19.08	83.17	21.77	12.50	0.80	19.25	28.57	3.43	1.43	1.63	6.62	123.33
	sd	6.93	3.33	3.35	1.66	0.11	6.80	8.74	1.99	0.30	0.27	0.90	32.40
	r	26.00	11.00	12.30	5.80	0.37	22.00	30.80	7.00	1.10	0.80	3.20	89.00
	cv	36.34	4.00	15.37	13.26	13.56	35.31	30.58	57.82	21.11	16.37	13.67	26.27
<i>S. chilense</i> R.	m	30.71	85.71	24.27	15.21	1.00	22.14	28.06	1.59	1.20	1.37	6.47	51.71
	sd	9.20	3.15	5.09	2.76	0.27	5.46	3.58	0.20	0.15	0.29	1.09	17.90
	r	25.00	9.00	15.10	7.60	0.82	13.00	10.40	0.60	0.43	0.70	3.00	61.00
	cv	29.94	3.67	20.96	18.13	27.04	24.66	12.76	12.31	12.44	21.35	16.85	34.60

¹DF = days to flowering; DM = days to maturity; LL = leaf length (cm); LW = leaf width (cm); SD = stem diameter (cm); FC = number of flowers per cluster; CL = cluster length (cm); FW = fruit weight (g); FL = fruit length (cm); FWi = fruit width (cm); TSS = total soluble solids (°Brix); SF = number of seeds per fruit; m = arithmetic mean; sd = standard deviation; r = range; cv = coefficient of variation.

¹DF = días a floración; DM = días a madurez; LH = longitud de hoja (cm); AH = ancho de hoja (cm); DT = diámetro de tallo (cm); FR = número de flores por racimo; LR = longitud de racimo (cm); PF = peso de fruto (g); LF = longitud de fruto (cm); AF = ancho de fruto (cm); SST = sólidos solubles totales (°Brix); SF = número de semillas por fruto; m = media aritmética; sd = desviación estándar; r = rango; cv = coeficiente de variación.

Table 3. Comparison of means among accessions of *Solanum pennellii* L. for 12 traits.
Cuadro 3. Comparación de medias entre accesiones de *Solanum pennellii* L. para 12 variables.

Accession/ Accesión	DF ¹	DM	LL/LH	LW/ AH	SD/DT	FC/FR	CL/LR	FW/PF	FL/LF	FWi/ AF	TSS/ SST	SF
LA2580	33.3 a ²	86 b	22.6 ab	13.1 a	1.22 ab	16.9 a	26 a	1.7 c	1.4 a	1.7 a	6.6 b	192 ab
LA0716	34.6 a	97 a	18 b	11.2 a	1.25 a	14.8 a	25.4 a	3.7 a	1.4 a	1.8 a	6.5 b	149 b
LA1272	31 a	98 a	18.8 ab	13 a	1.21 ab	13.2 a	24.6 a	2.6 b	1.3 a	1.8 a	9.3 a	233 a
LA1367	34 a	78 c	19.7 ab	12 a	1.19 ab	12.9 a	23.8 a	2.5 bc	1.3 a	1.8 a	9.7 a	218 a
LA1277	33.6 a	85 b	23.6 a	12.8 a	1.08 b	11.1 a	26.8 a	2.4 bc	1.3 a	1.7 a	8.4 a	193 ab
LSD/DMSH	6.3	6.4	4.9	4.3	0.15	6.2	8	0.7	0.35	0.23	1.4	44

¹DF = days to flowering; DM = days to maturity; LL = leaf length (cm); LW = leaf width (cm); SD = stem diameter (cm); FC = number of flowers per cluster; CL = cluster length (cm); FW = fruit weight (g); FL = fruit length (cm); FWi = fruit width (cm); TSS = total soluble solids (°Brix); SF = number of seeds per fruit; LSD = least significant difference. ²Means with the same letters within each column do not differ statistically ($P \leq 0.05$).

¹DF = días a floración; DM = días a madurez; LH = longitud de hoja (cm); AH = ancho de hoja (cm); DT = diámetro de tallo (cm); FR = número de flores por racimo; LR = longitud de racimo (cm); PF = peso de fruto (g); LF = longitud de fruto (cm); AF = ancho de fruto (cm); SST = sólidos solubles totales (°Brix); SF = número de semillas por fruto; DMSH = diferencia mínima significativa honesta. ²Medias con letras iguales dentro de cada columna no difieren estadísticamente ($P \leq 0.05$).

have autogamy (self-compatibility) systems have less variation within the population and more between populations.

As for the quality of the fruit, Fernie et al. (2006) indicate that the increase in TSS in *S. pennellii* L. is the result of an increase in sucrose and glucose. The comparison of means showed that LA1272 and LA1367 have the highest amount of TSS (9.3 and 9.7, respectively) (Table 3). Therefore, these accessions can be used to improve the fruit quality of the elite tomato varieties.

On the other hand, among accessions of *Solanum pimpinellifolium* L., the traits with the greatest variation were DM (21.24 %), FC (23.43 %), CL (37.57 %) and SF (33.71 %) (Table 2). Likewise, there were significant differences ($P \leq 0.05$) between the means of collections, with the exception of DF and FW (Table 4). Rick and Chetelat (1995) indicate that in *S. pimpinellifolium* L. the type of inflorescence, stem diameter, and days to flowering and maturity are very similar to those of the cultivated tomato, which makes this wild species the most used in tomato hybridization. In addition, both species are self-compatible and have red fruit, with the shape and size of the fruits being a relevant factor in genetic improvement (Rick & Forbes, 1975).

Galiana-Balaguer, Roselló, and Nuez (2006) concluded that the TSS content in *S. pimpinellifolium* L. is high. In general, all the accessions of *S. pimpinellifolium* L. evaluated in the present work had higher TSS than those commonly presented by 'Saladette'-type hybrids, which oscillate between 3.9 and 5.2 °Brix (Bonilla-Barrientos et al., 2014; Hernández-Leal et al., 2013). Rodríguez, Pratta, Zorzoli, and Picardi (2006), when studying a population

Las accesiones LA2580 y LA0716 mostraron autocompatibilidad al presentar menor variabilidad respecto al resto de accesiones evaluadas, las cuales presentaron autoincompatibilidad, en DF (2.7 %), DT (1.7 %), LR (1.6 %) y SST (1 %) (Cuadro 3). Esto concuerda con lo reportado por Mercer y Perales (2010), quienes indican que la variación genética de los individuos está influenciada por el tipo de reproducción, ya que los individuos que presentan sistemas de autogamia (autocompatibilidad) tienen menor variación dentro de la población y más entre poblaciones.

Encuanto a la calidad del fruto, Fernie et al. (2006) indican que el aumento de SST en *S. pennellii* L. es resultado de un incremento de sacarosa y glucosa. En la comparación de medias se obtuvo que LA1272 y LA1367 poseen la mayor cantidad de SST (9.3 y 9.7, respectivamente) (Cuadro 3). Por lo tanto, estas accesiones pueden ser aprovechadas en el mejoramiento de la calidad de los frutos de las variedades élite de jitomate.

Por otro lado, entre accesiones de *Solanum pimpinellifolium* L., las variables con mayor variación fueron DM (21.24 %), FR (23.43 %), LR (37.57 %) y SF (33.71 %) (Cuadro 2). Asimismo, hubo diferencias significativas ($P \leq 0.05$) entre las medias de colectas, a excepción de DF y PF (Cuadro 4). Rick y Chetelat (1995) indican que en *S. pimpinellifolium* L. el tipo de inflorescencia, diámetro de tallo, días a floración y madurez son muy parecidos a las del jitomate cultivado, lo que hace que esta especie silvestre sea la más utilizada en la hibridación del jitomate. Además, ambas especies son autocompatibles y de fruto rojo, siendo la forma y el tamaño de los frutos un factor relevante en el mejoramiento genético (Rick & Forbes, 1975).

Table 4. Comparison of means among accessions of *S. pimpinellifolium* L. for 12 traits.

Cuadro 4. Comparación de medias entre accesiones de *S. pimpinellifolium* L. para 12 variables.

Accession/ Accesión	DF ¹	DM	LL/LH	LW/ AH	SD/ DT	FC/FR	CL/LR	FW/ PF	FL/LF	FWi/ AF	TSS/ SST	SF
LA1584	16 a ^z	81 a	22 a	13.1 ab	1.1 a	15 a-c	21.4 a	1.3 a	1.2 ab	1.2 b	6.5 c	37.3 a
LA1689	15 a	82 a	21 ab	13.2 ab	1.1 a	15 a-c	21.6 a	1.2 a	1.2 ab	1.2 b	6.6 bc	37.7 a
LA1237	15 a	54 cd	20 ab	14.5 a	1.2 a	12 c	7.6 c	1.8 a	1.2 ab	1.6 a	6.5 c	17.7 de
LA1593	13 a	57 bc	16.7 b	9 b	0.85 b	13 bc	10.7 bc	1.1 a	1.1 b	1.2 b	6.7 bc	15.7 e
LA1576	15 a	60 b	16.6 b	9.7 ab	0.84 b	20 ab	13.3 b	1.2 a	1.2 ab	1.3 b	9.3 a	21.7 cd
LA0373	12 a	50 d	18.6 ab	11.2 ab	0.94 b	22 a	13.4 b	1.7 a	1.3 a	1.5 ab	7.7 b	24.7 bc
LA0442	11 a	54 cd	20 ab	11.8 ab	0.84 b	14 a-c	11.5 bc	1.5 a	1.3 ab	1.4 ab	6.5 c	30.3 b
LSD/ DMSH	5.4	4.7	4.2	4.8	0.18	6.6	5.7	0.83	0.25	0.28	1.2	6

¹DF = days to flowering; DM = days to maturity; LL = leaf length (cm); LW = leaf width (cm); SD = stem diameter (cm); FC = number of flowers per cluster; CL = cluster length (cm); FW = fruit weight (g); FL = fruit length (cm); FWi = fruit width (cm); TSS = total soluble solids (°Brix); SF = seeds per fruit; LSD = least significant difference. ^zMeans with the same letters within each column do not differ statistically ($P \leq 0.05$).

¹DF = días a floración; DM = días a madurez; LH = longitud de hoja (cm); AH = ancho de hoja (cm); DT = diámetro de tallo (cm); FR = número de flores por racimo; LR = longitud de racimo (cm); PF = peso de fruto (g); LF = longitud de fruto (cm); AF = ancho de fruto (cm); SST = sólidos solubles totales (°Brix); SF = semillas por fruto; DMSH = diferencia mínima significativa honesta. ^zMedias con letras iguales dentro de cada columna no difieren estadísticamente ($P \leq 0.05$).

of recombinant lines derived from the cross between *S. lycopersicum* cv. Caimanta and the accession LA722 of *S. pimpinellifolium* L., found an increase of 1.6 °Brix and 19 days of shelf life with respect to the female parent. Therefore, accession LA1576, which presented 9.3 °Brix (Table 4), can be an alternative to improve the internal quality of tomato fruits.

With respect to *Solanum peruvianum* L., the traits with the greatest variability were DF, FC, CL, FW, SF and FL, with 36.34, 35.31, 30.58, 57.82, 21.11 and 26.27 %, respectively (Table 2). This variability is due to its reproduction system (allogamy). Given that cross-pollination is required in individuals, due to their self-incompatibility, they have greater variation compared to those with autogamy (Rick, 1988). The above can be observed in Table 2, where, with the exception of DM, the traits have coefficients of variation greater than 13 %. Accession LA1982 had later flowering (40 days) and ripening (89 days), greater leaf length (30.2 cm) and width (16 cm), and greater stem diameter (0.99 mm) and cluster length (41 cm) (Table 5); this suggests that LA1982 can be exploited in breeding programs of cultivated tomatoes.

Chetelat et al. (2009) reported that the number of seeds of the evaluated accessions of *S. peruvianum* L. varies between 22.5 and 50 seeds per fruit. These values are much lower compared to those obtained in this research, which varied between 77 and 166.

Galiana-Balaguer, Roselló, y Nuez (2006) concluyeron que el contenido de SST en *S. pimpinellifolium* L. es alto. En general, todas las accesiones de *S. pimpinellifolium* L. evaluadas en el presente trabajo tuvieron SST superiores a los que comúnmente presentan los híbridos tipo 'Saladette', los cuales oscilan entre 3.9 y 5.2 °Brix (Bonilla-Barrientos et al., 2014; Hernández-Leal et al., 2013). Rodríguez, Pratta, Zorzoli, y Picardi (2006), al estudiar una población de líneas recombinantes derivadas de la cruce entre *S. lycopersicum* cv. Caimanta y la accesión LA722 de *S. pimpinellifolium* L., encontraron un incremento de 1.6 °Brix y 19 días de vida de anaquel con respecto al progenitor femenino. Por lo tanto, la accesión LA1576, que presentó 9.3 °Brix (Cuadro 4), puede ser una alternativa para mejorar la calidad interna de frutos de jitomate.

Con respecto a *Solanum peruvianum* L., las variables con mayor variabilidad fueron DF, FR, LR, PF, SF y LF, con 36.34, 35.31, 30.58, 57.82, 21.11 y 26.27 %, respectivamente (Cuadro 2). Dicha variabilidad se debe a su sistema de reproducción (allogamia). Dado que la polinización cruzada es obligada en los individuos, debido a su autoincompatibilidad, estos poseen mayor variación en comparación con aquellos que presentan autogamia (Rick, 1988). Lo anterior se puede observar en el Cuadro 2, donde, a excepción de DM, las variables presentan coeficientes de variación mayores a 13 %. La accesión LA1982 tuvo la floración (40 días) y maduración más tardía (89 días), mayor longitud

Table 5. Comparison of means among accessions of *S. peruvianum* L. for 12 traits.

Cuadro 5. Comparación de medias entre accesiones de *S. peruvianum* L. para 12 variables.

Accession/ Accesión	DF ¹	DM	LL/LH	LW/AH	SD/DT	FC/FR	CL/LR	FW/PF	FL	FWi/ AF	TSS/ SST	SF
LA2172	16 cd ²	82 b-d	19.4 ef	11.9 a	0.89 a-c	9 e	11.2 d	1.2 e	1.2 f	1.3 d	8.8 a	83 c
LA1982	40 a	89 a	30.2 a	16 a	0.99 a	20 bc	41 a	2.5 c-e	1.2 d-f	1.5 cd	7.1 bc	129 b
LA1677	18 b-d	80 cd	18.3 f	11.6 a	0.79 c-f	31 a	22.1 c	8.2 a	2.2 a	1.9 ab	6.7 b-d	126 b
LA1973	18 b-d	85 ab	21.3 c-e	13.4 a	0.82 b-e	18 b-e	27 c	1.8 de	1.2 f	1.4 cd	6 de	77 c
LA1360	21 b	80 cd	23.2 bc	13.4 a	0.92 ab	25 ab	39 ab	2.5 c-e	1.1 f	1.4 cd	7.5 b	137 ab
LA0103	21 bc	81 b-d	23 b-d	14.2 a	0.79 c-f	17 b-e	26.8 c	2.7 c-e	1.5 b-e	1.4 cd	6.3 c-e	79 c
LA0446	14 d	83 bc	20.7 e	12.1 a	0.71 e-g	15 c-e	24.5 c	3.9 c	1.5 b-d	1.7 bc	7.1 bc	90 c
LA1346	15 d	88 a	20 ef	10.6 a	0.72 e-g	20 bc	28 c	3.1 cd	1.5 bc	1.9 ab	6.5 c-e	152 ab
LA1336	15 d	78 d	21.2 c-e	11.6 a	0.62 g	19 b-d	25.8 c	6.1 b	1.7 b	2.1 a	5.9 de	155 ab
LA1274	17 b-d	82 b-d	21 de	11.4 a	0.67 fg	17 b-e	31 bc	3.6 c	1.4 c-f	1.7 bc	6.1 de	166 a
LA1365	17 b-d	85 ab	25 b	13.6 a	0.86 b-d	30 a	42 a	3.9 c	1.5 b-e	1.9 ab	5.8 de	148 ab
LA2152	17 b-d	85 ab	17.9 f	10.2 a	0.76 d-f	10 de	24.5 c	1.7 de	1.2 ef	1.4 d	5.6 e	138 ab
LSD / DMSH	6	4.7	2.2	6	0.13	9.2	9.2	1.6	0.26	0.29	0.9	30

¹DF = days to flowering; DM = days to maturity; LL = leaf length (cm); LW = leaf width (cm); SD = stem diameter (cm); FC = number of flowers per cluster; CL = cluster length (cm); FW = fruit weight (g); FL = fruit length (cm); FWi = fruit width (cm); TSS = total soluble solids (°Brix); SF = number of seeds per fruit. LSD = least significant difference. ²Means with the same letters within each column do not differ statistically ($P \leq 0.05$).

¹DF = días a floración; DM = días a madurez; LH = longitud de hoja (cm); AH = ancho de hoja (cm); DT = diámetro de tallo (cm); FR = número de flores por racimo; LR = longitud de racimo (cm); PF = peso de fruto (g); LF = longitud de fruto (cm); AF = ancho de fruto (cm); SST = sólidos solubles totales (°Brix); SF = número de semillas por fruto. DMSH = diferencia mínima significativa honesta. ²Medias con letras iguales dentro de cada columna no difieren estadísticamente ($P \leq 0.05$).

Table 6. Comparison of means among accessions of *S. habrochaites* S. for 12 traits.**Cuadro 6. Comparación de medias entre accesiones de *S. habrochaites* S. para 12 variables.**

Accession/ Accesión	DF ¹	DM	LL/LH	LW/ AH	SD/DT	FC/FR	CL/LR	FW/PF	FL/LF	FWi/ AF	TSS/ SST	SF
LA2409	44 bc ^z	85 e	30.4 cd	16.7 de	1.01 ab	26 a	20.9 a	1.9 d	1.4 b-d	1.5 de	8.6 b	74 cd
LA1731	46 a	93 cd	39 b	22.9 a-c	0.95 ab	25 a	14 cd	2.5 cd	1.5 b	1.8 b	8.5 b	56 de
LA2650	47 b	92 cd	47.1 a	25.9 ab	0.98 ab	18 a	13.4 d	2.8 bc	1.4 bc	1.8 b	6.5 c	57 de
LA2158	28 d	90 d	30.1 cd	18.3 c-e	0.87 b	20 a	14.8 b-d	7.1 a	1.9 a	2.3 a	9.1 b	129 a
LA2167	53 a	95 bc	36.1 bc	21.1 b-d	0.94 b	20 a	18.7 a-c	1.7 d	1.3 d	1.4 e	6.6 c	109 b
LA1223	43 bc	90 d	28.7 d	14.7 e	0.98 ab	25 a	15.6 b-d	2 d	1.3 cd	1.5 de	10.3 a	88 c
LA1777	44 bc	100 a	39 b	19.8 c-e	0.91 b	18 a	17.9 a-d	3.3 b	1.4 bc	1.7 bc	7 c	112 ab
GH0810	39 c	98 ab	41.5 ab	26.7 a	1.1 a	22 a	19.7 ab	2.2 cd	1.2 d	1.7 cd	6.7 c	49 e
LSD/DMSH	4.7	3.8	6.5	5.6	0.15	10.7	5.1	0.8	0.17	0.14	1.1	18

¹DF = days to flowering; DM = days to maturity; LL = leaf length (cm); LW = leaf width (cm); SD = stem diameter (cm); FC = number of flowers per cluster; CL = cluster length (cm); FW = fruit width (g); FL = fruit length (cm); FWi = fruit width (cm); TSS = total soluble solids (°Brix); SF = number of seeds per fruit; LSD = least significant difference. ^zMeans with the same letters within each column do not differ statistically ($P \leq 0.05$).

¹DF = días a floración; DM = días a madurez; LH = longitud de hoja (cm); AH = ancho de hoja (cm); DT = diámetro de tallo (cm); FR = número de flores por racimo; LR = longitud de racimo (cm); PF = peso de fruto (g); LF = longitud de fruto (cm); AF = ancho de fruto (cm); SST = sólidos solubles totales (°Brix); SF = número de semillas por fruto; DMSH = diferencia mínima significativa honesta. ^zMedias con letras iguales dentro de cada columna no difieren estadísticamente ($P \leq 0.05$).

Most of the traits evaluated in the *Solanum habrochaites* S. accessions had coefficients of variation greater than 14 % (Table 2). The traits with the greatest variation were FW (59.9 %), SF (35.37 %) and LW (20.48 %). Among accessions there were significant statistical differences ($P \leq 0.05$) in the traits evaluated, except for FC (Table 6). Five accessions of this species were characterized as self-compatible, while the other three were self-incompatible, so their propagation is through cross-pollination; this generates greater diversity (Peralta & Spooner, 2001). Only LA1223 produced fruit without the need to manually pollinate.

Carter, Gianagna, and Sacalis (1989), in a study of tolerance to the Colorado beetle (*Leptinotarsa decemlineata* Say), concluded that the leaves of *S. habrochaites* S. contain zingiberene, a compound that promotes partial tolerance to this insect. In the accessions evaluated in the present work, LA2650 had the largest leaves, so this represents an alternative for tolerance to this pest, by associating leaf size with greater zingiberene production.

On the other hand, accession LA1777 has been widely used in tomato breeding, since it has alleles that increase fruit yield and TSS, detected on chromosomes 1 and 4, respectively (Bernacchi et al., 1998; Monforte & Tanksley, 2000). However, it was found that LA2158 had greater weight and size, statistically different from those of LA1777, so it could be a better alternative for the breeding program's objectives.

Among the seven accessions of *Solanum chilense* R., it was found that the traits with the greatest variation were

(30.2 cm) y ancho de hoja (16 cm), mayor diámetro de tallo (0.99 mm) y longitud de racimo (41 cm) (Cuadro 5), esto sugiere que LA1982 puede ser aprovechada en programas de mejoramiento genético de jitomate cultivado.

Chetelat et al. (2009) reportaron que el número de semillas de las accesiones evaluadas de *S. peruvianum* L. varía entre 22.5 y 50 semillas por fruto. Estos valores son muy inferiores en comparación con los obtenidos en esta investigación, los cuales variaron entre 77 y 166.

La mayoría de las variables evaluadas en las accesiones de *Solanum habrochaites* S. presentaron coeficientes de variación superiores a 14 % (Cuadro 2). Las variables de mayor variación fueron PF (59.9 %), SF (35.37 %) y AH (20.48 %). Entre accesiones hubo diferencias estadísticas significativas ($P \leq 0.05$) en las variables evaluadas, excepto para FR (Cuadro 6). Cinco accesiones de esta especie se caracterizaron por ser autocompatibles, mientras que las otras tres fueron autoincompatibles, por lo que su propagación es a través de polinización cruzada; esto genera una mayor diversidad (Peralta & Spooner, 2001). Únicamente LA1223 produjo frutos sin la necesidad de hacer polinizaciones de manera manual.

Carter, Gianagna, y Sacalis (1989), en un estudio de tolerancia al escarabajo colorado (*Leptinotarsa decemlineata* Say), concluyeron que las hojas de *S. habrochaites* S. poseen zingibereno, un compuesto que promueve la tolerancia parcial a este insecto. En las accesiones evaluadas en el presente trabajo, LA2650 presentó las hojas de mayor tamaño, por lo que ésta

Table 7. Comparison of means among accessions of *S. chilense* R. for 12 traits.**Cuadro 7. Comparación de medias entre accesiones de *S. chilense* R. para 12 variables.**

Accesión/ Accesión	DF ¹	DM	LL/LH	LW/ AH	SD/ DT	FC/FR	CL/LR	FW/ PF	FL/LF	FWi/ AF	TSS/ SST	SF
LA2930	40 a ^z	86 a	23.3 bc	14.8 ab	0.88 bc	15 d	34.4 a	1.6 a	1.1 cd	0.9 b	5.5 c	21 c
LA1960	40 a	88 a	23.6 bc	10.6 b	1 b	19 b-d	24 b	1.7 a	1.4 a	1.6 a	8.5 a	82 a
LA2759	29 b	87 a	15.1 a-c	12.7 ab	0.96 bc	28 a	30 ab	1.7 a	1.3 ab	1.5 a	7.2 ab	56 b
LA1958	37 a	87 a	27.7 a-c	18.2 a	0.9 bc	25 ab	29 ab	1.2 a	0.97 d	1 b	6.7 bc	50 b
LA2778	30 b	85 a	30.2 a	16.6 ab	0.78 c	24 a-c	24.7 b	1.6 a	1.2 bc	1.5 a	6.1 bc	53 b
LA2748	24 b	88 a	28.3 ab	17.8 ab	0.91 bc	28 a	28.3 ab	1.8 a	1.1 cd	1.5 a	5.7 c	46 b
LA2750	15 c	79 b	21.7 c	15.8 ab	1.6 a	16 cd	26 b	1.5 a	1.3 bc	1.6 a	5.6 c	54 b
LSD/DMSH	5.6	3.4	6.5	7.2	0.2	8	7.1	0.8	0.17	0.15	1.3	14

¹DF = días a floración; DM = días a madurez; LL = longitud de hoja (cm); LW = anchura de hoja (cm); SD = diámetro de tallo (cm); FC = número de flores por racimo; CL = longitud de racimo (cm); PF = peso de fruto (g); LF = longitud de fruto (cm); AF = anchura de fruto (cm); SST = sólidos solubles totales (°Brix); SF = número de semillas por fruto; LSD = least significant difference. ²Means with the same letters within each column do not differ statistically ($P \leq 0.05$).

¹DF = días a floración; DM = días a madurez; LH = longitud de hoja (cm); AH = anchura de hoja (cm); DT = diámetro de tallo (cm); FR = número de flores por racimo; LR = longitud de racimo (cm); PF = peso de fruto (g); LF = longitud de fruto (cm); AF = anchura de fruto (cm); SST = sólidos solubles totales (°Brix); SF = número de semillas por fruto; DMSH = diferencia mínima significativa honesta. ²Medias con letras iguales dentro de cada columna no difieren estadísticamente ($P \leq 0.05$).

DF, LL, SD, FC, FWi and SF (Table 2) with significant differences ($P \leq 0.05$) in most of them, except in FW (Table 7). LA1960 presented the highest value in number of seeds per fruit (82), while LA2748 and LA2759 were superior in the number of flowers per cluster (28). These traits are important for determining gene flow, and therefore the genetic and evolutionary structure of the species (Barrett, 2008).

The species *S. chilense* R. is self-incompatible (Breto, Asins & Carbonell, 1993), which promotes cross-pollination, giving rise to a wide genetic diversity among and within the accessions. This explains the fact that the evaluated accessions of this species have eight traits with a coefficient of variation greater than 20 %; on the contrary, a self-compatible species such as *S. pimpinellifolium* L. presented only four traits with coefficients of variation greater than 20 %. Rick (1988) indicates that *S. chilense* R. has a wide diversity, since cross-pollination is required; therefore, these accessions represent an ample source of genes, not only for the traits evaluated, but also in the resistance to viral diseases (Griffiths & Scott, 2001, Stamova & Chetelat, 2000).

On the other hand, Chetelat et al. (2009) found 20 to 50 seeds in collections of *S. chilense*, *S. peruvianum* and *S. pennellii* made in the Atacama Desert in northern Chile, a range in which the values of the species evaluated here are found.

Conclusions

The accessions within species showed wide variation, which makes them a promising germplasm to be used in the development of breeding programs. In this sense,

representa una alternativa para la tolerancia a esta plaga, al asociarse el tamaño de la hoja con una mayor producción de zingibereno.

Por otro lado, la accesión LA1777 ha sido ampliamente utilizada en el mejoramiento genético del jitomate, ya que posee alelos que aumentan el rendimiento de frutos y los SST, detectados en los cromosomas 1 y 4, respectivamente (Bernacchi et al., 1998; Monforte & Tanksley, 2000). No obstante, se encontró que LA2158 tuvo mayor peso y tamaño, estadísticamente diferentes a los de LA1777, por lo que podría resultar una mejor alternativa para los objetivos del programa de mejoramiento genético.

Entre las siete accesiones de *Solanum chilense* R. se encontró que las variables de mayor variación fueron DF, LH, DT, FR, AF y SF (Cuadro 2) con diferencias significativas ($P \leq 0.05$) en la mayoría, excepto en PF (Cuadro 7). LA1960 presentó el mayor valor en número de semillas por fruto (82); mientras que LA2748 y LA2759 fueron superiores en el número de flores por racimo (28). Estos rasgos son importantes para determinar el flujo de genes, y por lo tanto la estructura genética y evolutiva de las especies (Barrett, 2008).

La especie *S. chilense* R. es autoincompatible (Breto, Asins & Carbonell, 1993), lo cual promueve la polinización cruzada dando lugar a una amplia diversidad genética entre y dentro de las accesiones. Lo anterior explica que las accesiones evaluadas de esta especie presenten ocho variables con coeficiente de variación mayor a 20 %; por el contrario, una especie autocompatible como *S. pimpinellifolium* L. presentó solo cuatro variables con coeficientes de variación superior a 20 %. Rick (1988) indica que *S. chilense* R. posee una amplia diversidad, ya

the accessions with better characteristics were LA1272, LA1367, LA1576 and LA177, which can be a source of new allelic versions to improve the fruit, while LA1982 and LA2650 can help improve the archetype of the cultivated tomato.

The traits with the greatest variation among species were DF, FW and SF, while those with the smallest variation were DM, FL, FWi and TSS. The species with the greatest differentiation were *S. peruvianum* L., *S. chilense* R. and *S. habrochaites* S., because they had higher coefficients of variation compared to the rest of the species evaluated.

Solanum pennellii L. presented the lowest coefficients of variation among accessions in most of the variables evaluated.

End of English version

References / Referencias

- Barrett, S. C. H. (2008). Major evolutionary transitions in flowering plant reproduction: an overview. *International Journal of Plant Sciences*, 169(1), 1-5. doi: 10.1086/522511
- Bernacchi, D., Beck-Bunn, T., Emmaty, D., Eshed, Y., Inai, S., Lopez, J.,... Tanksley, S. (1998). Advanced backcross QTL analysis of tomato. II. Evaluation of near-isogenic lines carrying single-donor introgressions for desirable wild QTL-alleles derived from *Lycopersicon hirsutum* and *L. pimpinellifolium*. *Theoretical and Applied Genetics*, 97(7), 170-180. doi: 10.1007/s001220051009
- Bonilla-Barrientos, O., Lobato-Ortiz, R., García-Zavala, J. J., Cruz-Izquierdo, S., Reyes-López, D., Hernández-Leal, E., & Hernández-Bautista, A. (2014). Diversidad agronómica y morfológica de tomates arriñonados y tipo pimiento de uso local en Puebla y Oaxaca, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 37(2), 129-139. Retrieved from <http://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/37-2/4a.pdf>
- Breto, M. P., Asins, M. J., & Carbonell, E. A. (1993). Genetic variability in *Lycopersicon* species and their genetic relationships. *Theoretical and Applied Genetics*, 86(1), 113-120. doi: 10.1007/BF00223815
- Carter, C. D., Gianagna, T. J., & Sacalis, J. N. (1989). Sesquiterpenes in glandular trichomes of a wild tomato species and toxicity to the Colorado potato beetle. *Journal of Agriculture and Food Chemistry*, 37(5), 1425-1428. doi: 10.1021/jf00089a048
- Cervantes-Moreno, R., Rodríguez-Pérez, J. E., Carrillo-Fonseca, C., Sahagún-Castellanos, J., & Rodríguez-Guzmán, E. (2014). Tolerancia de 26 colectas de tomate nativos de México al nematodo *Meloidogyne incognita* (KOFOID Y WHITE) chitwood. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 20(1), 5-18. doi: 10.5154/r.rchsh.2012.12.071
- Chetelat, R. T., Pertuze, R. A., Faundez, L., Graham, E. B., & Jones, C. M. (2009). Distribution, ecology and reproductive biology of wild tomatoes and related nightshades from the Atacama Desert region of northern Chile. *Euphytica*, 167(1), 77-93. doi: 10.1007/s10681-008-9863-6
- Fernie, A. R., Tadmor, Y., & Zamir, D. (2006). Natural genetic variation for improving crop quality. *Current Opinion in Plant Biology*, 9(2), 196-202. doi: 10.1016/j.pbi.2006.01.010
- Foolad, M. R. (2007). Genome mapping and molecular breeding of tomato. *International Journal of Plant Genomics*, 1-52. doi: 10.1155/2007/64358
- Galiana-Balaguer, L., Roselló, L., & Nuez, F. (2006). Characterization and selection of balanced sources of variability for breeding tomato (*Lycopersicon*) internal quality. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53(5), 907-923. doi: 10.1007/s10722-004-6696-6
- Griffiths, P. D., & Scott, J. W. (2001). Inheritance and linkage of tomato mottle virus resistance genes derived from *Lycopersicon chilense* accession LA1932. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 126(4), 462-467. Retrieved from <http://journal.ashspublications.org/content/126/4/462.full.pdf+html>
- que la polinización cruzada es obligada; por ello, estas accesiones representan una amplia fuente de genes, no solo para las variables evaluadas, sino también en la resistencia a enfermedades virales (Griffiths & Scott, 2001; Stamova & Chetelat, 2000).
- Por otra parte, Chetelat et al. (2009) encontraron de 20 a 50 semillas en colectas de *S. chilense*, *S. peruvianum* y *S. pennellii* realizadas en el desierto de Atacama al norte de Chile, rango en el cual entran los valores de las especies aquí evaluadas.

Conclusiones

Las accesiones dentro de especies mostraron amplia variación, lo que las constituye como germoplasma promisorio para usarse en el desarrollo de programas de mejoramiento genético. En este sentido, las accesiones con mejores características fueron: LA1272, LA1367, LA1576 y LA177, las cuales pueden ser fuente de nuevas versiones alélicas para mejorar el fruto; en tanto que LA1982 y LA2650 pueden contribuir a mejorar el arquetipo del jitomate cultivado.

Las variables con mayor variación entre especies fueron DF, PF y SF, mientras que las de menor variación fueron DM, LF, AF y SST. Las especies con mayor diferenciación fueron *S. peruvianum* L., *S. chilense* R. y *S. habrochaites* S., debido a que presentaron coeficientes de variación más altos respecto al resto de especies evaluadas.

Solanum pennellii L. presentó los coeficientes de variación entre accesiones más bajos en la mayoría de las variables evaluadas.

Fin de la versión en español

- Gur, A., & Zamir D. (2004) Unused natural variation can lift yield barriers in plant breeding. *Plos Biology*, 2(10), 1610-1615. doi: 10.1371/journal.pbio.0020245
- Hernández-Bautista, A., Lobato-Ortiz, R., Cruz-Izquierdo, S., García-Zavala, J. J., & Chávez-Servia, J. L. (2014). Variación fenotípica, heterosis y heredabilidad de una cruce interespecífica de jitomate. *Interciencia*, 39(5), 327-332. Retrieved from <http://uacm.kirj.redalyc.redalyc.org/articulo.oa?id=33930879011>
- Hernández-Bautista, A., Lobato-Ortiz, R., Cruz-Izquierdo, S., García-Zavala, J. J., Chávez-Servia, J. L., Hernández-Leal, E., & Bonilla-Barrientos, O. (2015). Fruit size QTLs affect in a major proportion the yield in tomato. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 75(4), 402-409. doi: 10.4067/S0718-58392015000500004
- Hernández-Leal, E., Lobato-Ortiz, R., García-Zavala, J. J., Reyes-López, D., Méndez-López, A., Bonilla-Barrientos, O., & Hernández-Bautista, A. (2013). Comportamiento agronómico de poblaciones F₂ de híbridos de tomate (*Solanum lycopersicum* L.). *Revista Fitotecnia Mexicana*, 36(3), 209-215. Retrieved from <http://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/36-3/3a.pdf>
- International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). (1996). *Descriptores para el tomate Lycopersicon spp.* Roma, Italia: Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos.
- Jenkins, J. A. (1948). The origin of the cultivated tomato. *Economic Botany*, 2(4), 379-392. Retrieved from <http://www.jstor.org/stable/4251913>
- Ladizinsky, G. (1998). *Plant evolution under domestication*. Netherlands: Springer. doi: 10.1007/978-94-011-4429-2
- Marín-Montes, I. M., Rodríguez-Pérez, J. E., Sahagún-Castellanos, J., Hernández-Ibáñez, L., & Velasco-García, A. M. (2016). Morphological and molecular variation in 55 native tomato collections from Mexico. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 22(2), 117-131. doi: 10.5154/r.rchsh.2016.03.008
- Mercer, K. L., & Perales, H. R. (2010). Evolutionary response of landraces to climate change in centers of crop diversity. *Evolutionary Applications*, 3(5-6), 480-493. doi: 10.1111/j.1752-4571.2010.00137.x
- Miller, J. C., & Tanksley, S. D. (1990). RFLP analysis of phylogenetic relationships and genetic variation in the genus *Lycopersicon*. *Theoretical and Applied Genetics*, 80(4), 437-448. doi: 10.1007/BF00226743
- Monforte, A., & Tanksley, S. D. (2000). Development of a set of near isogenic and backcross recombinant inbred lines containing most of the *Lycopersicon hirsutum* genome in a *L. esculentum* genetic background: A tool for gene mapping and gene discovery. *Genome*, 43(5), 803-813. doi: 10.1139/g00-043
- Peralta, E. I., & Spooner, D. M. (2001). Granule-bound starch synthase (GBSSI) gene phylogeny of wild tomatoes (*Solanum* L. section *Lycopersicon* [Mill.] wettst. subsection *Lycopersicon*). *American Journal of Botany*, 88(10), 1888-1902. Retrieved from <http://www.amjbot.org/content/88/10/1888.full.pdf+html>
- Peralta, I. E., & Spooner, D. M. (2007). History, origin and early cultivation of tomato (Solanaceae). In: Razdan, M. K., & Mattoo, A. K. (Eds), *Genetic improvement of Solanaceous crop, vol. 2: tomato* (pp. 1-24). Enfield, New Hampshire, USA: Science Publishers.
- Rick, C. M. (1973). Potential genetic resources in tomato species: clues from observations in native habitats. In: Srb, A. M. (Ed.), *Genes, enzymes, and populations* (pp. 255-269). New York: Plenum Press.
- Rick, C. M. (1988). Tomato-like nightshades: affinities, autoecology, and breeders' opportunities. *Economic Botany*, 42(2), 145-154. Retrieved from <http://www.jstor.org/stable/4255061>
- Rick, C. M., & Chetelat, R. T. (1995). Utilization of related wild species for tomato improvement. *Acta Horticulturae*, 412, 21-38. doi: 10.17660/ActaHortic.1995.412.1
- Rick, C. M., & Forbes, J. F. (1975). Allozyme variation in the cultivated tomato and closely related species. *Bulletin of the Torrey Botanical Club*, 102(6), 376-384. doi: 10.2307/2484764
- Rick, C. M., & Tanksley, S. D. (1981). Genetic variation in *Solanum pennellii*: Comparisons with two other sympatric tomato species. *Plant Systematics and Evolution*, 139(1-2), 11-45. doi: 10.1007/BF00983920
- Rodríguez, G. R., Muños, S., Anderson, C., Sim, S. C., Michel, A., Causse, M., ... van der Knaap, E. (2011). Distribution of *SUN*, *OVATE* and *FAS* in the tomato germplasm and the relationship. *Plant Physiology*, 156(1), 275-285. doi: 10.1104/pp.110.167577
- Rodríguez, R. G., Pratta, G. R., Zorzoli, R., & Picardi, A. L. (2006). Evaluation of plant and fruit traits in recombinant inbred lines of tomato obtained from a cross between *Lycopersicon esculentum* and *L. pimpinellifolium*. *Ciencia e Investigación Agraria*, 33(2), 111-118. doi: 10.7764/rcia.v33i2.344
- Spooner, D. M., Peralta, I. E., & Knapp, S. (2005). Comparison of AFLPs with other markers for phylogenetic inference in wild tomatoes [*Solanum* L. section *Lycopersicon* (Mill.) Wettst.]. *Taxon*, 54(1), 43-61. doi: 10.2307/25065301
- Stamova, B. S., & Chetelat, R. T. (2000). Inheritance and genetic mapping of cucumber mosaic virus resistance introgressed from *Lycopersicon chilense* into tomato. *Theoretical and Applied Genetics*, 101(4), 527-537. doi: 10.1007/s001220051512
- Statistical Analysis System (SAS Institute Inc.). (2002). *User's guide of Statistical Analysis System*. N. C. USA: SAS Institute Inc. Cary.
- Steiner, A. A. (1984) The universal nutrient solution. In: International Society for Soilless Culture (Ed.), *Proceedings 6th International Congress on Soilless Culture* (pp. 633-650). The Netherlands.
- Taylor, I. B. (1986). Biosystematic of the tomato. In: Atherton I. G., & Rudich, I. (Eds.), *The tomato crop: a scientific basis for improvement* (pp. 1-34). London: Chapman and Hall.
- Zamir, D. (2001). Improving plant breeding with exotic genetic libraries. *Nature Reviews Genetics*, 2(12), 983-989. doi: 10.1038/35103590