

**EVALUACIÓN DE CARACTERES DE INTERÉS AGRONÓMICO EN LA
GENERACIÓN F₂ DE HÍBRIDOS INTRA E INTERVARIETALES DE
TOMATE (*Lycopersicon esculentum* Mill.)**

Tesis del Ingeniero Agrónomo

ROBERTO DANIEL LOREA

Este trabajo ha sido presentado como requisito para la obtención

del Grado Académico de

MAGISTER SCIENTIAE

MAESTRÍA EN GENÉTICA VEGETAL

Área Mejoramiento Genético

UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO

INTA

- Marzo 2003 -

**EVALUACIÓN DE CARACTERES DE INTERÉS AGRONÓMICO EN LA
GENERACIÓN F₂ DE HÍBRIDOS INTRA E INTERVARIETALES DE
TOMATE (*Lycopersicon esculentum* Mill.)**

Tesis del Ingeniero Agrónomo

ROBERTO DANIEL LOREA

Aprobada por el Jurado de Tesis

.....

Directora de tesis

Dra. Roxana Zorzoli

.....

Consejero

Dr. Enrique Cointry

.....

Consejero

Ing. Agr. (MSc) Guillermo Pratta

.....

Coordinadora de la carrera

Dra. Liliana A. Picardi

Facultad de Ciencias Agrarias, U.N.R., Marzo de 2003.

AGRADECIMIENTOS

A mi familia, novia y amigos por su apoyo permanente.

A mi directora Dra. Roxana Zorzoli y mis consejeros Dr. Enrique Cointry e Ing. Agr. (MSc) Guillermo Pratta por las horas y el esfuerzo dedicados para la elaboración de la presente tesis.

Al Ing. Agr. (MSc) Gustavo R. Rodriguez, amigo y colaborador incondicional en el desarrollo de esta experiencia.

A los Docentes y Ayudantes de la Cátedra de Genética del Departamento de Biología y Recursos Naturales de la Facultad de Ciencias Agrarias, U. N. R.

A los Ing. Agr. Stella M. García, Inés T. Firpo y Jorge Ferrato, y al personal no docente de la Sección Horticultura del Campo Experimental “José F. Villarino”, Facultad de Ciencias Agrarias (U. N. R.) por el asesoramiento y contribución en la realización de los ensayos.

A la Estación Experimental Agropecuaria San Pedro y en especial al Jefe del Grupo de Trabajo Poscosecha y Alimentos, Ing. Agr. MSc. Ricardo Murray y el personal a su cargo, por poner a su disposición sus conocimientos, instalaciones e instrumental para la determinación de los caracteres de calidad de fruto.

a Susana y Roberto

ÍNDICE

	Pag.
Resumen	<i>vi</i>
Abstract	<i>viii</i>
Introducción	9
Hipótesis	20
Objetivos	21
Material y Métodos	22
Resultados	30
Discusión	52
Conclusiones	64
Consideraciones Finales	66
Bibliografía	68
Anexo I - Tablas	77
Anexo II - Gráficos	84
Anexo III - Fotografías	102

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue estudiar la segregación de los caracteres de interés agronómico en la generación F₂ de los híbridos provenientes de un cruzamiento dentro de *L. esculentum* var. *esculentum*, y un cruzamiento entre el taxón cultivado y una entrada del taxón silvestre (*L. esculentum* var. *cerasiforme*). Los materiales genéticos utilizados fueron: dos líneas homocigotas de *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Caimanta (**Cai**) y Nor (**N**), este último portador de los genes mutantes *nor/nor* que demoran la madurez de los frutos; y la entrada 1385 de *L. esculentum* var. *cerasiforme* (**Ce**). Las semillas F₁ entre los progenitores **Cai** y **N** (cruzamiento intravarietal), y entre **Cai** y **Ce** (cruzamiento intervarietal) se obtuvieron mediante castraciones manuales, obteniéndose luego las generaciones F₂ correspondientes. En planta se evaluaron los siguientes aspectos morfovegetativos y fenológico: longitud de los entrenudos (**LE**, en cm); perímetro del tallo (en cm), tomado en las partes basal (**PB**), media (**PM**) y apical (**PA**); número de flores por racimo (**FR**); número de racimos por planta (**R**); días a floración (**DF**); hábito de crecimiento (**HC**); tipo de hoja (**TH**). En fruto fue evaluada la calidad de los mismos a través de: peso (**P**, en g), diámetro (**D**, en cm), y altura (**A**, en cm) de los frutos; forma (**F**); color: por medio del porcentaje de reflectancia **L** y el cociente **a/b** (**C**); contenido de sólidos solubles (**SS**, en °Brix); acidez: a través del **pH** y de la acidez titulable (**AT**, en g de ácido cítrico/ 100 g de jugo homogeneizado); y vida poscosecha de los frutos (**VP**). Del análisis realizado se concluye que: los híbridos provenientes de ambas cruas tuvieron similar arquitectura de planta y **C**, **SS** y **pH**. El híbrido intervarietal presentó frutos más redondos, con más prolongada **VP**, de menor tamaño y menores valores de **AT** y una mayor producción potencial de frutos en comparación con el intravarietal. Las acciones génicas en el cruzamiento intervarietal fueron de dominancia parcial

para **PA, DF, P**, tamaño (**D y A**), **F, C, SS y VP** de los frutos, dominancia para **PB, PA, FR y R**; y de sobredominancia para **AT**; en el cruzamiento intravarietal las acciones génicas fueron de sobredominancia para **PA, FR, R, DF, P**, tamaño y **C** de los frutos; de dominancia parcial para **VP** y total para **PB, PM, L, pH y AT**. La incorporación del genoma silvestre, en comparación con el mutante, generó una distribución más amplia de individuos F_2 para los caracteres **FR, R, F y SS**, y en contraposición una más estrecha para **DF, P, D, A y AT**, y similar efecto en **LE, PB, PM, PA, C, pH y VP**. El efecto de la combinación del mutante *nor* con **Cai** produjo en los individuos F_2 frutos con mayores valores de **L**. Los valores de GDG obtenidos para el cruzamiento intervarietal demuestran la presencia de variabilidad genética, siendo más importante para **PA, FR, R, DF, L, SS, pH y AT**; en el cruzamiento intravarietal los mayores valores de GDG fueron para **LE, PM, FR, R, DF, L, C y AT**. Se encontraron individuos transgresivos en 7 de los 17 caracteres evaluados en el cruzamiento intervarietal, y en 14 de los evaluados en el cruzamiento intravarietal. Se encontraron en ambos cruzamientos una asociación negativa entre el tamaño de los frutos y el contenido en sólidos solubles y entre el desarrollo vegetativo y la forma esférica de los frutos y asociaciones positivas entre el tamaño y peso de los frutos. Los individuos segregantes de ambos cruzamientos ampliaron la variabilidad presente para los caracteres de interés agronómico evaluados.

ABSTRACT

Evaluation of agronomic traits in F₂ generations of intra and intervarietal hybrids in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.)

The aim of this work was to study the segregation of agronomic traits in F₂ generation of two crosses: an intravarietal cross between cv. Caimanta and cv. Nor (with mutant gene *nor/nor*) of *Lycopersicon esculentum* var. *esculentum* and an intervarietal cross between cv. Caimanta and accession LA 1385 of *L. esculentum* var. *cerasiforme*. The intervarietal in comparison with intravarietal hybrid presented greatest potential production, smallest fruit and longest shelf-life. Partial dominance gene actions were more important in intervarietal cross whereas overdominance effects were more common in intravarietal cross. Incorporation of wild genome presented a widest distribution of F₂ individual for potential production, less wide for weight and size fruit and similar for vegetative traits and shelf-life in comparison with incorporation of cv. Nor. The greatest GDG values were obtained for potential production and internal fruit quality traits in intervarietal cross. Some vegetative and fruit quality traits presented the greatest GDG values in intravarietal cross. Transgressive individuals were found for some traits. For both crosses significant phenotype correlations were found among vegetative traits and fruit traits and among internal and external quality fruit traits.

INTRODUCCIÓN

El tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) es una dicotiledonea perteneciente a la familia de las *Solanaceae* y a la subfamilia *Solanoideae* presentando todos los miembros de esta familia el mismo número básico de cromosomas ($x=12$). Actualmente se conocen 9 especies pertenecientes al género *Lycopersicon* siendo todas ellas diploides. Posee un genoma relativamente pequeño (0,74 pg de ADN por núcleo haploide).

El género *Lycopersicon* es nativo del oeste de Sudamérica, encontrándose desde el norte de Chile al sur de Colombia y desde la costa del Pacífico a las estribaciones orientales de los Andes. *L. esculentum* var. *cerasiforme*, considerado el antecesor de la variedad cultivada y conocido como tomate “cherry” es la única especie que se extendió en Latino y Centro América en forma de maleza (Taylor, 1986; Rick y Holle, 1990; Warnock, 1991).

El tomate no fue conocido en Europa hasta el descubrimiento y la conquista de América, siendo aceptado durante mucho tiempo como ornamental, dado que se la creía venenosa (por su relación con las plantas de la familia *Solanaceae*, como el beleño, la belladona y otras). Superada esta primer fase, su cultivo y consumo en la actualidad ha alcanzado tal difusión que difícilmente puede encontrarse otro producto agrícola que sea consumido en tales cantidades, ya sea como fresco, o en distintos tipos de jugos o salsas (Rodríguez Rodríguez *et al.*, 1997). El mejoramiento sobre los ancestros silvestres fue iniciado por los hombres de América. México aparece como el sitio de domesticación y como el centro de origen desde donde fueron transportados al Viejo Mundo. Su nombre deriva de la lengua *náhuatl* de México, donde se le llamaba *tomatl*.

El tomate es una de las especies hortícolas de mayor importancia a nivel regional, nacional y mundial (Grierson y Fray, 1994; Hobson y Grierson, 1993), y aunque el valor nutritivo del

mismo no es muy elevado, el alto nivel de consumo que presenta convierte a este cultivo en una de las principales fuentes de vitaminas y minerales.

En el año 2001 según estimaciones de la F. A. O. se sembraron aproximadamente 4 millones de hectáreas a escala mundial. En nuestro país se cultivaron 208.000 hectáreas con una producción de 700.000 toneladas. El rendimiento promedio fue de 3,4 toneladas/hectárea, siendo superior al promedio mundial (2,7 toneladas/hectárea), pero inferior a otros países donde se aplican mejores y más costosas tecnologías de producción. (Fuente F. A. O., 2001).

El destino de esta hortaliza puede ser el consumo en fresco (directo) o la elaboración de procesados, habiéndose desarrollado variedades adaptadas para uno u otro propósito (Stevens, 1986; Tigchelaar, 1986).

La tendencia en el consumo la determina, en su mayoría, la evaluación que hace el consumidor en cuanto a calidad y precio. La percepción de la calidad del tomate como fruto fresco es determinada por su aspecto, su consistencia o firmeza, y su sabor, mientras que la calidad del tomate para industria está determinada básicamente por el contenido de sólidos solubles, el color, el pH y la firmeza.

Las exigencias para el consumo en fresco, principal destino del cinturón hortícola de Rosario, son muy grandes tanto en lo que se refiere a productividad como a características de calidad de frutos y resistencias a enfermedades. Los criterios que predominan en la elección de los materiales a sembrar son: porte abierto de la planta, alta productividad, tamaño uniforme de los frutos, precocidad de la producción, hábitos de crecimiento indeterminado (sobre todo para invernaderos) o determinado (tomate para cosecha mecánica), estacionalidad de la producción, uniformidad de forma y color de frutos, textura, jugosidad, sabor y aspecto interno de los frutos, adaptación al sistema del cultivo, adaptación a condiciones ambientales de estrés y resistencia a

enfermedades (Cuartero y Báguena, 1990; Fernandez *et al.*, 1992). El tomate para consumo en fresco es un cultivo que presenta buenas perspectivas para la exportación, para ello es necesario mejorar el período de conservación poscosecha, permitiendo que los frutos lleguen a mercados lejanos en buenas condiciones de comercialización. El tomate procesado, por su parte, debe tener características reológicas que lo hagan útil para varios procesamientos, tales como conservas, jugos, salsas, purés, etc. (Schuch *et al.*, 1991).

Dentro de las variedades disponibles en el mercado, el tomate “cherry” (*L. esculentum* var. *cerasiforme*), es un producto de valor comercial relativamente alto en el mundo. En general no hay datos estadísticos sobre precios y volúmenes a escala mundial o nacional de esta variedad, ya que los mismos se incluyen en los de tomate común (Moccia *et al.*, 1998). A partir de la década del ochenta algunos países europeos e Israel muestran interés creciente en este producto, prefiriéndose frutos de tomate “cherry” pequeño (15 a 25 mm de diámetro) o grande (25 a 35 mm de diámetro) dependiendo del país demandante. El tomate “cherry” se diferencia del tomate común en su comportamiento sanitario, desarrollo foliar, número de flores y frutos por racimo, tamaño y composición del fruto y conservación poscosecha (McGlasson y Beattie, 1989).

Los cambios evolutivos más importantes que se han dado durante el proceso de domesticación de este género son: la reducción de la base genética, la modificación del sistema reproductivo y el incremento del tamaño del fruto. Así el tomate cultivado presenta una escasa variabilidad genética (Rick, 1978; Warnock, 1991). Según Rick (1950) en las formas silvestres encontradas en su centro de origen predomina la polinización cruzada, y paralelamente con el traspaso del tomate a otras partes mundo se transformó gradualmente en un cultivo autógamo como lo conocemos actualmente. Así, en opinión de Rick y Butler (1956) uno puede esperar efectos heteróticos en los cruzamientos entre líneas mejoradas de tomate ya que estos representan

cruzamientos dentro de una especie que posee en sus orígenes un alto grado de polinización cruzada.

La mejora del crecimiento y el rendimiento de los cultivos hortícolas es una de las principales metas de los programas de mejoramiento. Para los cultivos de invernáculo como el tomate, en las últimas décadas se ha dado un gran aumento en la producción y parte de este logro es debido a las mejoras continuas en los métodos de cultivo. El aumento en la producción también puede atribuirse al mejoramiento vegetal, principalmente debido al aumento del índice de cosecha y también al incremento en el rendimiento de la biomasa (Lindhout *et al.*, 1991).

Las compañías de mejoramiento han generado una cantidad de variedades e híbridos de tomate especialmente mejoradas para satisfacer distintos criterios de calidad, proveyendo a los agricultores con germoplasma de calidad adaptados a ambientes de crecimiento específicos (invernaderos, etc.). Por su parte se han hecho varios intentos para aumentar el contenido de sólidos solubles del fruto y a la vez aumentar o disminuir el contenido ácido; se ha tratado de perfeccionar el color rojo a través de cultivares mejorados y se han producido también intentos limitados de manipular genéticamente los componentes volátiles. El éxito de estos intentos ha sido variable, muchos han fracasado debido a la interacción compleja entre los distintos componentes del fruto y entre las características de las plantas y la composición del fruto (Stevens, 1986). A pesar de los esfuerzos en el mejoramiento, el tomate fresco no parece cumplir las altas exigencias de calidad y sabor de los consumidores. Además, las empresas de alimentos requieren el mejoramiento de las características de procesado para afianzar la competitividad y proveer flexibilidad en las manufacturas.

Existen distintas líneas de trabajo en el mejoramiento del tomate. Generalmente la metodología empleada es la realización de cruzamientos entre progenitores con características

complementarias de interés agronómico, seleccionando en las progenies F₂ los fenotipos más promisorios que son posteriormente autofecundados para su evaluación en la próxima generación. La selección se continúa durante varias generaciones hasta que las líneas son lo suficientemente homocigotas. Finalmente, se evalúa la aptitud combinatoria de estas líneas, para identificar los mejores padres de híbridos que luego serán destinados al mercado (Lindhout *et al.*, 1991). El mejoramiento tradicional es un proceso lento pero eficaz; no obstante se requieren de nuevas propuestas para acelerar la introducción de variedades de tomate mejoradas. La producción de tomates genéticamente modificados con características mejoradas parece ser una oportunidad (Young *et al.*, 1993) aunque existe cierta resistencia por parte de los consumidores para el consumo de organismos genéticamente modificados (OGM).

Además del mejoramiento tradicional en el campo de la biología molecular se han hecho considerables progresos en los últimos años, por ejemplo para modificar vías metabólicas involucradas en la maduración del fruto. Smith *et al.* (1988) han desarrollado técnicas de ARN antisentido reduciendo la expresión de la enzima poligalacturonasa que altera el metabolismo de la pectina y la textura del fruto. Las plantas así modificadas producen frutos que retardan su proceso de madurez permaneciendo intactos por extensos períodos (Kramer *et al.*, 1989). Estos frutos son ventajosos para la cosecha, el transporte y el procesado ya que son más resistentes al *cracking* o daños mecánicos y a infecciones fúngicas secundarias (Gray *et al.*, 1992). Este tipo de tecnología requiere una inversión económica muy superior a la que debe hacerse con las técnicas tradicionales en los programas de mejoramiento genético; no obstante, permiten la posibilidad de obtener más rápidamente plantas que respondan a las necesidades de mercado.

Dentro del acervo genético de la especie se han identificado mutantes espontáneos que poseen genes que alteran el proceso de madurez del fruto y son útiles para la mejora de

determinadas características (Ng y Tigchelaar, 1977; Tigchelaar *et al.*, 1978; Stevens, 1986; Tigchelaar, 1986; Mutschler *et al.* 1992). Entre ellos se encuentra *nor* (*non-ripening*) localizado en el cromosoma diez y ligado al gen de maduración uniforme (*u*), *rin* (*ripening inhibitor*) localizado en el cromosoma cinco, *Nr* (*never-ripe*), *t* (*tangerine*) con color de la pulpa debido al prolicopeno, *r* (*yellow flesh*) con pulpa amarilla por falta de licopeno, *gf* (*greenflesh*) pérdida incompleta de clorofila, y *alc* (*Alcobaca*) localizado en el brazo corto del cromosoma diez, entre otros. Algunos de ellos afectan la biosíntesis del licopeno (*t* y *r*), otros a la degradación de la clorofila (*gf* y *u*), pero quizás el grupo más importante está relacionado con la síntesis y los receptores del etileno (*rin*, *nor* y *alc*) (Nuez Viñals, 1995). Estos últimos han sido descritos como genes recesivos que disminuyen la producción de etileno durante la senescencia (Robinson y Tomes, 1968) y producen frutos no climatéricos. Los estudios sobre estos mutantes han ayudado a la comprensión de los mecanismos de maduración del fruto (Grierson *et al.*, 1986) y han permitido modificar características de la poscosecha (Schuch *et al.*, 1990). Los frutos de estos mutantes al estado homocigota presentan una mayor vida poscosecha pero no adquieren color rojo, lo que reduce su calidad comercial (Tigchelaar *et al.*, 1978). Su utilización en los programas de mejoramiento genético como progenitores de materiales “larga vida” se ve limitada ya que, aún en la condición heterocigota, provocan efectos pleiotrópicos indeseables tales como un retraso o inhibición del desarrollo del color, la textura, el pH, el sabor y el aroma (Buescher *et al.*, 1976; Hobson y Grierson, 1993). Sin embargo, el tipo y la magnitud de dichos efectos dependen del material genético al que son incorporados (Tigchelaar *et al.*, 1978). Las mayores mejoras en las características de calidad de fruto que ha sido demostrada en estos mutantes es el mejoramiento de las características de manipulación (Sakurai y Nevins, 1993).

El uso de las especies silvestres como fuente de germoplasma constituye una alternativa para ampliar la base genética del cultivo en los programas de mejoramiento de esta especie. El interés de su inclusión se debe a que éstas han superado diversos procesos selectivos durante la adaptación a los distintos ambientes siendo posible entonces encontrar en ellas resistencia a insectos y enfermedades, tolerancia a condiciones ambientales adversas como sequía, salinidad y alcalinidad edáficas, bajas temperaturas, etc. Habitualmente las especies silvestres son utilizadas en los programas de mejoramiento sólo como fuentes de resistencia a enfermedades pero podrían ser particularmente interesantes como fuente de variabilidad para otros caracteres relacionados con la calidad y la maduración del fruto. Bajo el supuesto de que en condiciones naturales el mantenimiento de las propiedades organolépticas durante más largo tiempo podría ser una estrategia adaptativa para atraer a los predadores y asegurar así la dispersión de las semillas, podrían encontrarse valores de interés fitotécnico para el carácter vida poscosecha de los frutos dentro del germoplasma silvestre. De acuerdo a esta hipótesis, los genes de origen silvestre cuya acción génica difiere de *nor* (Pratta *et al.*, 1996; Zorzoli *et al.*, 1998), se convertirían en una alternativa para el mejoramiento del carácter, evitando los efectos perjudiciales ocasionados por el uso de los mutantes espontáneos de *L. esculentum*.

Dentro de las formas silvestres más promisorias del género *Lycopersicon* para aportar características transferibles se encuentra *L. esculentum* var. *cerasiforme*. Esto es debido a la diversidad de caracteres que presenta y a la facilidad con que se obtienen los cruzamientos con la variedad cultivada (Hermsen, 1984; Rick, 1973, 1976; Stevens, 1986). Si bien estos cruzamientos presentan frutos más pequeños, una forma de compensar esta reducción de tamaño podría ser el aumento en el número de frutos por planta, manteniendo así constante el peso total de frutos producidos por planta.

Es evidente que un buen entendimiento de los principios y los componentes de la variación genética que controlan los distintos caracteres de interés agronómico a mejorar podrían contribuir en gran medida a una mejora en la eficacia de la selección de los mismos. El análisis de progenitores e híbridos permite inferir cuales son las acciones génicas que rigen los caracteres en estudio, a la vez que la estimación del grado de determinación genético es un indicador de la variabilidad existente en las poblaciones segregantes.

Dentro de las características a mejorar se han determinado una serie de caracteres morfovegetativos y fenológicos que no solo tienen importancia por si mismos, sino que estarían correlacionados con el rendimiento final, por lo que permitirían realizar una selección indirecta temprana (Stevens, 1986; Tigchelaar, 1986; Vallejo Cabrera *et al.*, 1994; Pratta *et al.*, 1996).

Entre ellos se encuentran: la longitud de entrenudos (relacionado con el gen *sp* que codifica para el hábito de crecimiento determinado de la planta y por lo tanto se relaciona con su altura final); el perímetro del tallo en las partes basal, media y apical (influye sobre el anclaje de la planta y la posibilidad del sostenimiento de ramas y racimos); número de flores por racimo y número de racimos por planta (indicador de la capacidad productiva potencial de los genotipos) y la precocidad (días que demora la planta en producir flores y/o frutos).

La maduración del fruto del tomate puede ser considerada como una forma de transición que abarca una serie compleja de eventos fisiológicos y bioquímicos involucrando cambios en el color, sabor, aroma y textura que los hace atractivos y sabrosos. Estos procesos de maduración están dados por alteraciones en la actividad de muchas vías bioquímicas e involucran todos los compartimentos celulares. Estas alteraciones incluyen el rápido incremento en la producción de dióxido de carbono y etileno típico de los frutos climatéricos, como así también la degradación de clorofila, la síntesis y acumulación de carotenoides, la solubilización de sustancias pécticas, y el

desarrollo de componentes del sabor (Ng. y Tigchelaar, 1977). El desarrollo del color del fruto verde a rojo ocurre debido a la transición de cloroplastos a cromoplastos (Harris y Spurr, 1969; Bathgate *et al.*, 1985), un proceso en el cual la clorofila se degrada y se acumulan los pigmentos carotenoides y algunos flavonoides.

Los niveles de azúcares, ácidos y componentes volátiles del fruto también se alteran durante la maduración y generan el aroma y sabor completo de un fruto maduro (Gray *et al.*, 1994). Durante la maduración la tasa de pasaje de polímeros de almidón a moléculas de azúcar disminuye (Goodenough y Thomas, 1981), dado por el estado de almidón metabolizado en azúcares dentro de los frutos, o azúcares translocados de otras partes de la planta. Así se incrementa la dulzura, los niveles de otros componentes del sabor tales como ácidos orgánicos y algunos componentes aromáticos se incrementan durante la maduración y producen el balance final de los componentes sensitivos del fruto maduro.

El contenido de sólidos solubles (comprende el 75 % de la materia seca del fruto) está compuesto de todos los componentes del fruto, excepto agua y aquellos volatilizados durante el secado, y es un elemento crucial para la determinación del sabor y el rendimiento del procesamiento de los frutos de tomate. Young *et al.* (1993) encontraron que las mayores diferencias de contenido de sólidos solubles en los materiales que estudiaron ocurrieron en el estado rojo maduro, sugiriendo que este es el mejor estado para seleccionar materiales para incrementar este carácter. Los azúcares reducidos fructosa y glucosa son los componentes orgánicos del fruto que más prevalecen; cuando el total de sólidos aumenta hay generalmente un aumento en la proporción de azúcares reducidos en el total de sólidos. Es así que el sabor de los frutos es principalmente determinado por el perfil de azúcares (principalmente fructuosa y glucosa), ácidos y la proporción ácido:azúcar (Stevens, 1986; Grierson y Fray, 1994).

Los mejoradores de tomate han invertido considerable tiempo y esfuerzo tratando de desarrollar cultivares con alto contenido de sólidos. Pero estos esfuerzos no siempre fueron exitosos debido a la relación negativa entre rendimiento y contenido de sólidos. La selección exitosa de progenies de alto sólidos totales en una población segregante es difícil debido a los efectos del ambiente en el contenido de sólidos; el riego, la textura del suelo, y la resistencia a las enfermedades afectan notablemente el contenido de sólidos. Las enfermedades que afectan la absorción de agua en las plantas pueden tener un efecto más importante en el contenido de sólidos que la variación genotípica para el contenido de sólidos del fruto. La dificultad en seleccionar directamente por incremento del contenido total de sólidos, ha producido un interés en los factores fisiológicos que influyen en el contenido de sólidos del fruto. Por su parte Stevens (1986) postula que algunas especies silvestres parecen tener potencial genético significativo para una acumulación mayor de sólidos solubles.

Existe una relación entre el contenido de ácidos y el sabor. Los ácidos no solo contribuyen a la acidez del fruto sino que también son un factor importante en la intensidad del sabor (Stevens *et al.*, 1979). Las variaciones en la acidez en los cultivares se puede explicar por la diferencia en pH y acidez titulable. Para la industria, si el contenido ácido es muy bajo o el pH muy alto, los tomates ya no se pueden procesar confiablemente dado que aumenta el riesgo sanitario.

El mantenimiento de las propiedades organolépticas del fruto de tomate durante el mayor tiempo posible después de la cosecha amplía las posibilidades de comercialización del producto, especialmente cuando se destina al mercado en fresco (Mutschler *et al.*, 1992; Kramer y Redenbaugh, 1994). A menudo el tomate para este tipo de comercialización presenta escasa calidad para el consumidor pues suele cosecharse verde y la maduración puede ser iniciada por tratamiento con etileno. Este procedimiento puede producir frutos aceptables cuando los tomates

son cosechados en estado verde maduro, pero frecuentemente también son cosechados los frutos verdes inmaduros. Estos frutos inmaduros desarrollarán pigmentación roja sin adquirir el sabor, la textura y la calidad del tomate madurado en planta (Kader *et al.*, 1978), ya que se reduce el contenido de azúcar y tiene diferentes efectos en el contenido ácido a la maduración, lo que afecta la calidad del sabor. El tratamiento con etileno fue desarrollado para facilitar la cosecha de tomate, prolongar la vida poscosecha de los frutos y minimizar los daños físicos en los frutos durante el transporte. Tecnológicamente es posible interferir algunos de estos procesos de maduración a través del manejo poscosecha: empleo de bajas temperaturas, uso de film de polietileno, atmósfera controlada, uso de MCP-1, etc. Todos estos métodos implican un aumento considerable en el costo final del producto. Otra forma de manipular el proceso de maduración del tomate es a través de la incorporación de genes de “larga vida” a cultivares comerciales.

Dados estos antecedentes se podría postular que la incorporación de las especies silvestres en un programa de mejoramiento de tomate cultivado podría ampliar la variabilidad genética para distintos caracteres de interés agronómico, a la vez que podrían disminuir los efectos pleiotrópicos indeseables provocados por el mutante *nor*.

HIPÓTESIS DE TRABAJO

Las hibridaciones entre una línea del taxón silvestre *L. esculentum* var. *cerasiforme* y líneas del taxón cultivado *L. esculentum* var. *esculentum* producen nuevas combinaciones génicas para los caracteres de interés agronómico no presentes en los cruzamientos dentro del taxón cultivado de utilidad para un plan de mejoramiento genético de la especie.

OBJETIVO GENERAL

Estudiar la segregación de los caracteres de interés agronómico en la generación F₂ de los híbridos provenientes de un cruzamiento dentro de *L. esculentum* var. *esculentum* y de un cruzamiento entre el taxón cultivado y una entrada del taxón silvestre *L. esculentum* var. *cerasiforme*.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- ✓ Estudiar las combinaciones híbridas intra e intervarietales para caracteres de interés agronómico.
- ✓ Estudiar las acciones génicas involucradas en cada carácter.
- ✓ Analizar la distribución fenotípica en cada generación F₂ y estimar el Grado de Determinación Genética de los caracteres estudiados.
- ✓ Analizar las correlaciones fenotípicas entre los diferentes caracteres en cada generación F₂.

MATERIAL Y MÉTODOS

La experiencia se llevó a cabo en el Campo Experimental J.F. Villarino de la Facultad de Ciencias Agrarias (UNR) ubicado en la localidad de Zavalla (Provincia de Santa Fe), a 33° de Latitud Sur y 61° de Longitud Oeste.

Como materiales experimentales se utilizaron:

1) Dos líneas de *L. esculentum* var. *esculentum*:

- ↪ cv. Caimanta (**Cai**): provista por la E. E. A. INTA Cerrillos (Salta), de hábito de crecimiento determinado, hojas normales, frutos grandes de forma achatada del tipo “platense” y con genes de maduración normal (nor^+/nor^+).
- ↪ cv. Nor (**N**): línea provista por la E.E.A. INTA La Consulta que posee un hábito de crecimiento indeterminado, hojas modificadas tipo “papa”, frutos de menor peso que los del cultivar antes descrito y con genes mutantes espontáneos que demoran la maduración y tienen prolongada vida poscosecha (nor/nor).

2) la entrada LA 1385 del taxón silvestre *L. esculentum* var. *cerasiforme* (**Ce**) provista por el Tomato Genetics Resources Center (TGRC), University of California, Davis (USA), y originaria de Quincemil, Cuzco (Perú), de hábito de crecimiento indeterminado, hojas normales, frutos redondos de tamaño reducido y con mayor vida poscosecha que la cultivar Caimanta (de constitución genética desconocida para el locus *nor*).

Las semillas F₁ entre los progenitores **Cai** y **N** (cruzamiento intravarietal), y entre **Cai** y **Ce** (cruzamiento intervarietal) se obtuvieron mediante castraciones manuales siguiendo la técnica descrita por Rick (1973) obteniéndose luego las generaciones F₂ correspondientes.

Se utilizó como testigo para los caracteres de calidad de fruto una cultivar comercial “larga vida” denominada “Dominic” (**Test**), de amplio uso en el Cinturón Hortícola de Rosario.

El material de semilla se sembró a mediados de Mayo en cajas de Petri para su germinación plantándose posteriormente en bandejas de plástico, especiales para la producción de plantines (*speedlings*), sobre un sustrato BVB. Los plantines fueron transplantados a principios del mes de Junio a un invernadero cuando presentaron cuatro hojas verdaderas desplegadas. Las plantas se dispusieron en lomos apareados con cobertura de polietileno negro (*mulching*) a una distancia de 0,35 metros entre plantas, 0,70 metros entre lomos apareados y 1,80 metros entre pares de lomos. Las mismas fueron tutoradas siguiendo un sistema de espalderas efectuándose la conducción de la manera habitual de los productores de la zona para el cultivo de tomate bajo cubierta de primicia (un tallo).

Para la realización del presente ensayo se partió con una fertilización de base con enmienda orgánica (3000 kg/ha de cama de pollo). Los niveles de riego fueron los suficientes para mantener un estado hídrico que evitara los síntomas de estrés en el cultivo. Se realizaron aplicaciones con plaguicidas de uso común para este cultivo a los fines de mantenerlo libre de plagas que disminuyeran el potencial productivo de los materiales evaluados. La temperatura del invernadero fue regulada para asegurar una mínima de 8 °C durante el período vegetativo para evitar una reducción en la tasa de crecimiento en ésta etapa fenológica, y 10 °C durante el reproductivo a los fines de mantener el potencial de cuajado de frutos, ya que el polen muere con temperaturas inferiores (Nuez Viñals, 1995).

Existe una serie de caracteres que, como fueron descriptas en la introducción precedente, son necesarios estudiar a los fines caracterizar los distintos genotipos de tomate. En una etapa inicial de investigación, como la presente, sobre el efecto de la conjugación de los distintos

genotipos estudiados se seleccionaron para su estudio los siguientes caracteres, aunque en la utilización de dichos materiales en un programa de mejoramiento de la especie, y de acuerdo al objetivo de mejora que se plantee para los diferentes usos y destinos del tomate (consumo en fresco, industria, etc.) y las condiciones de manejo del cultivo, se podrán priorizar algunos caracteres sobre otros.

En planta se evaluaron las siguientes características:

Aspectos morfovegetativos y fenológico:

1. Longitud de los entrenudos (**LE**): medida en cm entre el 3^{er} y 4^{to} nudo a los 50 días del transplante.
2. Perímetro del tallo (en cm), tomado en las partes basal (**PB**), media (**PM**) y apical (**PA**) a los 50 días del transplante.
3. Número de flores por racimo (**FR**): promedio de las flores presentes en las tres primeras inflorescencias.
4. Número de racimos por planta (**R**): contabilizados hasta alcanzar la distancia de cosecha (por el sistema de conducción hasta la guía del sistema de tutorado).
5. Hábito de crecimiento (**HC**): clasificando las plantas en determinadas: a aquellas cuyo tallo principal remata en una inflorescencia y la altura por ende queda definida en el momento en el cual el ápice pasa de vegetativo a reproductivo; e indeterminadas: aquellas cuyo tallo principal no remata en una inflorescencia, por lo que el ápice no pasa nunca de vegetativo a reproductivo.
6. Tipo de hoja (**TH**): se evaluó sólo en el cruzamiento intravarietal clasificando las hojas en normales: aquéllas compuestas que desarrollaron de 7 a 11 folíolos bien definidos; y

modificadas o tipo “papa”: aquéllas cuyos folíolos aparecen unidos y no bien diferenciados (ver fotografía N° 1 del Anexo III).

7. Días a floración (**DF**), evaluado como los días transcurridos desde la fecha de transplante hasta la aparición de una flor abierta sobre el tallo principal.

En fruto fueron evaluadas las características que se detallan a continuación:

Calidad de los frutos:

**En frutos cosechados cuando su color inmaduro comienza a virar hacia el maduro (estado “pintón”)*

1. Peso (**P**, en g), diámetro (**D**, en cm), y altura (**A**, en cm).
2. Forma (**F**): evaluada como el cociente altura sobre diámetro.
3. Vida poscosecha de los frutos (**VP**), medida como el número de días transcurridos desde la cosecha hasta el inicio del deterioro de las paredes celulares, permaneciendo los frutos almacenados a una temperatura de 26 ± 3 °C (ver fotografía N° 5 del Anexo III).

**En frutos cosechados cuando su color es completamente el maduro (estado “maduro”)*

4. Color: medido con un colorímetro Chromameter CR 300 con una apertura de luz de 8 mm y un procesador de datos adjuntos. Se obtuvo el porcentaje de reflectancia L (**L**), calibrado contra una superficie estándar blanca con un 100 % de reflectancia, este valor indica la intensidad del color y toma valores entre + 100 para el color blanco hasta – 100 para el negro. Además se obtuvo el cociente **a/b** (**C**), **a** es la absorbancia a la longitud de onda de 540 nm y toma valores de + 60 para tonos rojos hasta – 60 para tonos verdes; y **b** es la absorbancia a la longitud de onda de 675 nm, con valores que van desde + 60 para amarillos hasta - 60 para tonalidades azules. Este coeficiente toma valores menores a 0

para tomates verdes y se incrementa por encima de 0 para frutos maduros y de color rojo oscuro. Los valores para cada tomate evaluado se tomó promediando tres mediciones en la zona ecuatorial de cada fruto (ver fotografías N° 2 y 3 del Anexo III).

5. Contenido de sólidos solubles (**SS**, en °Brix): porcentaje de glucosa más fructosa del jugo homogeneizado medido con un refractómetro manual (ver fotografía N° 4 del Anexo III).
6. Acidez: a través del **pH** del jugo homogeneizado y de la acidez titulable (**AT**, en g de ácido cítrico/ 100 g de jugo homogeneizado) calculada a partir del volumen de NaOH 0,1 M necesario para llevar a 8,1 el pH de 10 g de jugo disueltos en 100 ml de agua destilada.

Las determinaciones de color de los frutos se realizaron en las instalaciones y con el instrumental del Laboratorio de Análisis de poscosecha de la Estación Experimental Agropecuaria San Pedro del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA).

El diseño estadístico utilizado, tanto en invernadero como para las determinaciones de laboratorio, fue completamente aleatorizado, respondiendo al siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + \tau_i + \varepsilon_{ij}$$

donde: Y_{ij} : es la (ij)-ésima observación

μ : es la media global

τ_i : es el (i)-ésimo tratamiento o genotipo

ε_{ij} : es la componente aleatoria del error

constituyendo cada planta la unidad experimental para el análisis de los aspectos morfovegetativos y la precocidad de la producción, y cada fruto individual la unidad experimental para el análisis de las restantes características, excepto para **SS**, **pH** y **AT** para los cuales la unidad experimental consistió en una muestra por genotipo de tantos frutos como fuera necesario para obtener el mínimo de jugo homogeneizado necesario para realizar las mediciones de acuerdo a las técnicas antes descritas.

Previo al análisis de los datos de los progenitores y las generaciones F_1 y F_2 , se evaluó la normalidad de las diferentes variables a través de la prueba de Shapiro-Wilk (1965). Las variables **FR**, **R**, **DF**, **P**, **L**, **pH**, **AT** y **VP** fueron transformadas para lograr su normalidad mediante:

FR: logaritmo **FR**; **AT:** logaritmo **AT**;

R: $R \times (R+1)$;

DF: $1 / DF$; **pH:** $1 / pH$;

P: $\sqrt{P} + \sqrt{P+1}$; **VP:** $\sqrt{VP} + \sqrt{VP+1}$;

L: $1 / (L+1)$.

Los valores promedios para cada carácter de los progenitores, el testigo y las generaciones F_1 y F_2 fueron comparadas mediante la prueba t de Student (Snedecor, 1964).

La acción génica presente en cada carácter surgió de comparar los valores fenotípicos promedio de los progenitores con la generación F_1 correspondiente a través de la prueba t de Student (Snedecor, 1964), cuando no se hallaron diferencias entre el valor de la F_1 y alguno de sus progenitores se asumió que la acción génica fue de dominancia completa; cuando se encontraron diferencias, se comparó el valor de la generación F_1 con el valor que resultó de hacer el promedio con los valores de ambos progenitores ($(\text{Valor Progenitor 1} + \text{Valor Progenitor 2})/2$) también con

la prueba *t* de Student, de no encontrarse diferencias entre estos valores se asumió una acción génica de aditividad, en el caso de encontrar diferencias, se verificó si el valor de la generación F₁ se encontraba dentro del rango de variación de los progenitores, en cuyo caso se asumió una acción génica de dominancia parcial, o fuera de dicho rango en cuyo caso se asumió una acción génica de sobredominancia.

En las generaciones F₂ se calculó el *Grado de Determinación Genética* (GDG) o heredabilidad en sentido amplio a través del método de los componentes de variancia (Kearsey and Pooni, 1996) para aquellos caracteres medidos en planta. El GDG fue medido como:

$$\text{GDG: } \sigma^2_g / \sigma^2_{F_2}$$

donde: $\sigma^2_{F_2}$ (varianza fenotípica de la generación F₂)

$$\sigma^2_g \text{ (varianza genotípica): } \sigma^2_{F_2} - \sigma^2_e$$

$$\sigma^2_e \text{ (varianza ambiental): } (\sigma^2_{P_1} + \sigma^2_{P_2} + \sigma^2_{F_1})/3$$

Para los caracteres evaluados en fruto se estimó la variancia genética a partir de un análisis de variancia según el siguiente esquema (Mariotti, 1986).

Fuentes de Variación	gl	Varianzas (V)	Esperanzas de (V)
Entre genotipos	k ₁ - 1	V ₁	$\sigma^2_e + k_2 \sigma^2_g$
Entre repeticiones dentro de genotipos	k ₁ (k ₂ - 1)	V ₂	σ^2_e

Donde: k₁: número total de individuos F₂.

k₂: número de repeticiones.

Considerando que la variación presente entre repeticiones dentro de genotipos (V_2) es una estimación de la varianza ambiental promedio en la población (σ_e^2), la varianza genética de la población (σ_g^2) se estimó a partir de la varianza observada consecuencia de la partición en el análisis de varianza, así $\sigma_g^2 = (V_1 - V_2) / k_2$.

El error probable en la estimación del GDG se calculó como:

$$EE (GDG) = \sqrt{\frac{2(N-1)(1-GDG^2)(1+(k_2-1)GDG)^2}{k_2^2(N-k_1)(N-1)}}$$

donde: N: número total de observaciones.

k_1 : número total de individuos F_2 .

k_2 : número de repeticiones.

Se obtuvieron los valores del *sesgo* y la *kurtosis* a los fines de caracterizar y comparar las distribuciones de frecuencias de los individuos F_2 por cruzamiento para cada variable a través del paquete estadístico SAS (Freund and Littell, 1981). El *sesgo* permite inferir cuanto se aleja de la normal la distribución en estudio, así los valores positivos implican una inclinación hacia la derecha de la distribución, los valores negativos implican una inclinación hacia la izquierda de la curva y el cero implica distribuciones normales. La *kurtosis* sirve para probar cuanto una distribución puede alejarse de la normal: si es cero no habrá divergencia de la normalidad; un valor positivo indica un exceso de individuos cerca de la media y lejos de ella, con el correspondiente enjuntamiento de los flancos de la distribución; y los valores negativos resultan de curvas de distribuciones aplastadas en la parte superior (Snedecor, 1964).

Se calcularon las proporciones de individuos transgresivos para cada carácter suponiendo que el tamaño de las poblaciones parentales fue igual al de la generación F_2 , utilizándose para ello la prueba no paramétrica del χ^2 - Cuadrado (Snedecor, 1964). Se consideró como individuos transgresivos aquéllos que presentaron valores fenotípicos que excedieran el rango conformado por la media de los progenitores más menos (\pm) dos desvíos estándares (de Vicente y Tanksley, 1993). Los individuos esperados fuera de este rango son el 5 % de la población y se comparó este valor con la proporción de individuos observados por fuera de los límites del rango antes descrito para significar la presencia de individuos transgresivos.

Para los caracteres cualitativos estudiados (**TH** y **HC**) se analizó la frecuencia de individuos F_2 y se utilizó la prueba de χ^2 - Cuadrado para probar la segregación mendeliana 3:1.

Se calcularon los coeficientes de correlación de Pearson (Snedecor, 1964) para el análisis de las correlaciones fenotípicas existentes entre los caracteres evaluados en cada generación F_2 .

RESULTADOS

A los fines de una mejor comprensión, se presentan diferenciados los resultados obtenidos en relación con los objetivos propuestos y divididos para los caracteres determinados en planta y los determinados en fruto.

DETERMINACIÓN DE LAS ACCIONES GÉNICAS

Aspectos morfovegetativos y fenológico

Los valores promedios para los caracteres evaluados en los progenitores y en los híbridos se detallan en la Tabla N° 1 (ver anexo I).

Longitud de entrenudos (LE):

Los progenitores del cruzamiento intervarietal no presentaron diferencias entre sí para este carácter ($t = 0,82$; ns), no diferenciándose tampoco el material híbrido de sus progenitores ($t = 0,48$; ns y $t = 0,38$; ns para **Cai** y **Ce** respectivamente). Dados estos resultados no pudieron establecerse las acciones génicas que podrían estar involucradas en la determinación de este carácter.

En el cruzamiento intravarietal la situación fue similar ya que los progenitores tampoco manifestaron diferencias entre sí ($t = 1,43$; ns), no diferenciándose el híbrido de ninguno de sus progenitores ($t = 0,29$; ns y $t = 0,84$; ns para **Cai** y **N** respectivamente).

Las generaciones híbridas (**F₁**) de ambos tipos de cruzamientos no presentaron diferencias entre sí ($t = 0,15$; ns).

Perímetro del tallo en la parte basal (PB):

El resultado de la *t* de Student demostró que en el cruzamiento intervarietal los progenitores presentaron diferencias entre sí ($t = 8,34$; $p < 0,01$) siendo **Cai** el genotipo de tallos más gruesos en la porción basal. El híbrido entre ambos no se diferenció significativamente del progenitor **Cai** ($t = 1,73$; ns) pero sí lo hizo del progenitor **Ce** ($t = 4,35$; $p < 0,01$), lo cual puso en evidencia la presencia de una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **Cai**.

Similar comportamiento se presentó en el cruzamiento intravarietal ya que los progenitores difirieron entre sí para este carácter ($t = 4,31$; $p < 0,01$) comportándose nuevamente **Cai** como el genotipo de tallos más gruesos en su porción basal. El híbrido correspondiente no se diferenció significativamente del progenitor **N** ($t = 1,46$; ns) pero sí lo hizo del progenitor **Cai** ($t = 2,16$; $p < 0,05$), lo cual determinó una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **N**.

Las generaciones híbridas de ambos cruzamientos no presentaron valores diferentes para este carácter ($t = 0,65$; ns).

Perímetro del tallo en la parte media (PM):

En el cruzamiento intervarietal los progenitores presentaron diferencias ($t = 7,86$; $p < 0,01$), siendo **Cai** el genotipo que presentó los mayores valores para este carácter; no diferenciándose el híbrido correspondiente del progenitor **Cai** ($t = 1,51$; ns), pero sí lo hizo del progenitor **Ce** ($t = 6,83$; $p < 0,01$), lo cual puso en evidencia una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **Cai**.

Para el cruzamiento intravarietal los progenitores difirieron significativamente entre sí ($t = 2,83$; $p < 0,01$) siendo **N** quien presentó los mayores valores de esta variable. El híbrido F_1 no se diferenció significativamente del progenitor **N** ($t = 0,91$; ns) mientras que sí lo hizo de **Cai** ($t = 2,16$; $p < 0,05$), lo cual permite plantear una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **N**.

Al comparar los valores promedios de las generaciones híbridas de ambos cruzamientos no se encontraron diferencias ($t = 0,16$; ns).

Perímetro del tallo en la parte apical (PA):

En el cruzamiento intervarietal se encontró que los progenitores **Cai**, de ápices más gruesos, y **Ce** presentaron diferencias entre sí ($t = 12,74$; $p < 0,01$). Su híbrido se diferenció significativamente de **Cai** ($t = 4,29$; $p < 0,01$) y de **Ce** ($t = 8,60$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de dominancia parcial.

En el cruzamiento intravarietal para esta variable los progenitores presentaron diferencias entre sí ($t = 2,80$; $p < 0,01$), siendo nuevamente **Cai** el genotipo de ápices más gruesos. La F_1 correspondiente se diferenció significativamente de **Cai** ($t = 4,88$; $p < 0,01$) y de **N** ($t = 2,16$; $p < 0,05$) presentando un valor inferior a ambos progenitores lo que implicó una acción génica de sobredominancia.

Las generaciones híbridas de ambos cruzamientos tampoco presentaron valores diferentes para este carácter ($t = 1,02$; ns).

Número de flores por racimo (FR):

En el análisis correspondiente se encontró que los progenitores en el cruzamiento intervarietal presentaron diferencias entre sí ($t = 7,27$; $p < 0,01$), siendo **Ce** quien presentó los

mayores valores, en promedio 12,90 flores por racimo. El híbrido correspondiente presentó valores similares al progenitor **Ce** ($t = 1,95$; ns) pero diferentes a los del progenitor **Cai** ($t = 9,89$; $p < 0,01$). Esto permitió inferir una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **Ce**.

En el cruzamiento intravarietal los progenitores también presentaron diferencias entre sí ($t = 4,40$; $p < 0,01$), siendo **N** quien presentó el mayor número de flores por racimo. El híbrido correspondiente se diferenció significativamente tanto del progenitor **Cai** ($t = 8,74$; $p < 0,01$) como del **N** ($t = 3,95$; $p < 0,01$), con valores superiores a ambos lo que determinó una acción génica de sobredominancia.

Las generaciones **F₁** se diferenciaron entre sí ($t = 2,38$; $p < 0,05$) presentando la correspondiente al cruzamiento intervarietal un mayor número de flores por racimo, en promedio $10,52 \pm 1,74$.

Número de racimos por planta (R):

En el cruzamiento intervarietal el progenitor **Cai** presentó plantas con menor número de racimos, un promedio de $4,44 \pm 0,51$, que se diferenciaron con respecto a las de **Ce** con $9,10 \pm 0,99$ racimos por planta en promedio ($t = 15,88$; $p < 0,01$). El híbrido entre ambos no manifestó diferencias significativas con el progenitor **Ce** ($t = 0,88$; ns) aunque sí lo hizo con **Cai** ($t = 22,62$; $p < 0,01$). Esto determinó una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **Ce**.

En el cruzamiento intravarietal los progenitores también se diferenciaron entre sí para este carácter ($t = 12,23$; $p < 0,05$) presentando **Cai** nuevamente los menores valores. El híbrido entre ambos se diferenció de **N** ($t = 447,21$; $p < 0,01$) y **Cai** ($t = 27,91$; $p < 0,01$), lo cual determinó una

acción génica de sobredominancia, presentando plantas con mayor número de racimos, en promedio $8 \pm 0,00$.

Las generaciones F_1 se diferenciaron entre sí ($t = 6,02$; $p < 0,01$) correspondiendo los mayores valores, en promedio $8,80 \pm 0,42$ racimos por planta, al híbrido intervarietal.

Hábito de crecimiento (HC):

El progenitor **Cai** presentó un hábito de crecimiento determinado, mientras que **Ce**, **N** y las generaciones F_1 presentaron un hábito de crecimiento indeterminado, correspondiendo con la característica de recesividad del gene *sp* que regula el hábito de crecimiento determinado.

Tipo de hoja (TH):

El híbrido del cruzamiento intravarietal presentó hojas normales, en correspondencia con el comportamiento recesivo del gene que regula este carácter.

En las fotografías N° 6, 7, 8, 9 y 10 del Anexo III se observa el desarrollo vegetativo de los progenitores e híbridos.

Días a floración (DF):

En el análisis de los resultados de la *t* de Student se encontró que, en el cruzamiento intervarietal, los progenitores presentaron diferencias entre sí ($t = 11,02$; $p < 0,01$) siendo **Ce** el más precoz, demorando en promedio 35,30 días en florecer. El híbrido entre ambos se diferenció significativamente de sus progenitores: **Cai** ($t = 3,78$; $p < 0,01$) y **Ce** ($t = 2,53$; $p < 0,01$), presentando un valor intermedio de días a floración de $38,40 \pm 3,31$, lo que determinó una acción génica de aditividad total.

Con respecto al cruzamiento intravarietal los progenitores presentaron diferencias entre sí ($t = 9,25$; $p < 0,01$) resultando en este caso **Cai** el progenitor más precoz, con $42,56 \pm 1,37$ días promedio en florecer. El híbrido correspondiente se diferenció significativamente de ambos progenitores: **Cai** ($t = 4,89$; $p < 0,01$) y **N** ($t = 9,97$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de sobredominancia con valores inferiores ($39,00 \pm 2,36$ días) a ambos progenitores, resultando así más precoz.

Las generaciones híbridas correspondientes a los dos cruzamientos presentaron igual comportamiento para esta característica ($t = 0,47$; ns).

Calidad de los frutos

Los valores promedios para los caracteres evaluados en los progenitores, en el testigo y en los híbridos se detallan en la Tabla N° 2 (ver anexo I).

Peso del fruto (P):

Al analizar esta variable se observó en el cruzamiento intervarietal que los progenitores presentaron diferencias entre sí ($t = 23,22$; $p < 0,01$) siendo **Cai** el de frutos más pesados, diferenciándose su híbrido de ambos progenitores con valor promedio de $9,95 \pm 2,52$ gramos ($t = 21,59$; $p < 0,01$ y $t = 4,80$; $p < 0,01$ para **Cai** y **Ce**, respectivamente). Esto significó la presencia de una acción génica de dominancia parcial.

Los progenitores del cruzamiento intravarietal presentaron diferencias entre sí para este carácter ($t = 8,55$; $p < 0,01$) siendo también **Cai** el genotipo de frutos más pesados, con un valor promedio de $82,35 \pm 13,03$ gramos. El híbrido correspondiente se diferenció significativamente de ambos progenitores: **Cai** ($t = 20,01$; $p < 0,01$) y **N** ($t = 5,25$; $p < 0,01$) presentando un valor,

inferior a ambos progenitores, de $15,33 \pm 2,47$ gramos. Esta situación determinó la existencia de una acción génica de sobredominancia.

Las generaciones híbridas de ambos cruzamientos se diferenciaron entre sí ($t = 4,82$; $p < 0,01$) presentando la correspondiente al cruzamiento intervarietal los menores valores.

El genotipo testigo se comportó como el progenitor **Cai** ($t = 0,25$; ns).

Diámetro del fruto (D):

Los progenitores del cruzamiento intervarietal presentaron diferencias ($t = 28,45$; $p < 0,01$) siendo **Cai** el genotipo de frutos más grandes con un diámetro promedio de $5,99 \pm 0,32$ cm. El híbrido se diferenció significativamente de ambos progenitores: **Cai** ($t = 27,05$; $p < 0,01$) y **Ce** ($t = 5,52$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de dominancia parcial con frutos de $2,80 \pm 0,24$ cm de diámetro.

En el cruzamiento intravarietal los progenitores también presentaron diferencias para este carácter ($t = 8,91$; $p < 0,01$) y nuevamente **Cai** presentó los frutos de mayor diámetro, diferenciándose su híbrido de ambos progenitores: **Cai** ($t = 28,10$; $p < 0,01$) y **N** ($t = 7,67$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de sobredominancia con frutos de menor tamaño ($3,33 \pm 0,16$ cm de diámetro) que los progenitores que le dieron origen.

Las generaciones híbridas presentaron valores diferentes de diámetro de fruto ($t = 5,81$; $p < 0,01$) siendo la correspondiente al cruzamiento intravarietal la que presentó frutos de mayor tamaño.

El genotipo testigo se comportó diferente del resto de los genotipos evaluados (**Cai**: $t = 3,59$, $p < 0,01$; **Ce**: $t = 24,48$; $p < 0,01$; **N**: $t = 6,20$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x Ce**: $t = 21,43$; $p < 0,01$; **F₁**

Cai x N: $t = 23,10$; $p < 0,01$), presentando frutos de gran diámetro ($5,57 \pm 0,37$ cm), inferiores a la cultivar Caimanta, pero mayores que el resto de los genotipos.

Altura del fruto (A):

Los progenitores del cruzamiento intervarietal presentaron diferencias entre sí ($t = 17,59$; $p < 0,01$) siendo **Cai** el de frutos más altos ($4,30 \pm 0,36$ cm), y también se diferenciaron de su híbrido: **Cai** ($t = 16,39$; $p < 0,01$) y **Ce** ($t = 3,67$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de dominancia parcial presentando frutos con una altura promedio de $2,22 \pm 0,22$ cm.

Por otra parte, en el cruzamiento intravarietal los progenitores se diferenciaron para este carácter ($t = 6,25$; $p < 0,01$) y nuevamente **Cai** mostró los mayores valores de altura de fruto. El híbrido entre ambos progenitores se diferenció significativamente de ellos: **Cai** ($t = 14,50$; $p < 0,01$) y **N** ($t = 5,00$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de sobredominancia con frutos de menor altura que la de ambos padres ($2,46 \pm 0,22$ cm).

Las generaciones híbridas de ambos cruzamientos se diferenciaron entre sí ($t = 2,44$; $p < 0,05$) siendo la correspondiente al cruzamiento intravarietal la que presentó frutos de mayor altura.

El genotipo testigo no se diferenció de **Cai** ($t = 0,18$; ns) y sí lo hizo del resto de los genotipos evaluados (**Ce:** $t = 20,79$; $p < 0,01$; **N:** $t = 7,21$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x Ce:** $t = 19,74$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x N:** $t = 17,44$; $p < 0,01$).

Forma del fruto (F):

En el cruzamiento intervarietal los progenitores presentaron diferencias entre sí ($t = 6,95$; $p < 0,01$) siendo **Ce** el de frutos más redondos con valores promedio de $0,86 \pm 0,05$. También el híbrido se diferenció significativamente de ellos: **Cai** ($t = 3,73$; $p < 0,01$) y **Ce** ($t = 3,46$; $p < 0,01$), con frutos de forma intermedia a sus progenitores, determinando una acción génica de aditividad.

Los progenitores del cruzamiento intravarietal, por su parte, no presentaron diferencias entre sí ($t = 0,57$; ns) para este carácter y tampoco se diferenció el híbrido de ellos: **Cai** ($t = 1,07$; ns) y **N** ($t = 1,90$; ns), por lo que no se pudieron establecer las acciones génicas correspondientes.

Las generaciones híbridas de ambos cruzamientos se diferenciaron entre sí ($t = 2,80$; $p < 0,05$), siendo la correspondiente al cruzamiento intervarietal la que presentó valores más cercanos a 1 (0,79).

El genotipo testigo no se diferenció del híbrido intervarietal ($t = 1,56$; ns) y sí lo hizo del resto de los genotipos evaluados (**Cai**: $t = 3,94$; $p < 0,01$; **Ce**: $t = 5,64$; $p < 0,01$; **N**: $t = 6,16$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x N**: $t = 2,34$; $p < 0,05$).

Vida poscosecha (VP):

Los progenitores del cruzamiento intervarietal presentaron diferencias entre sí ($t = 45,12$; $p < 0,01$), siendo **Ce** el genotipo que presentó los frutos de más prolongada vida poscosecha ($31,94 \pm 0,72$ días). El híbrido correspondiente se diferenció significativamente de ellos: **Cai** ($t = 40,06$; $p < 0,01$) y **Ce** ($t = 7,17$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de dominancia parcial con frutos de vida poscosecha de $29,71 \pm 0,67$ días.

En el cruzamiento intravarietal los progenitores se comportaron diferencialmente para este carácter ($t = 58,96$; $p < 0,01$) siendo **N** el progenitor de frutos con vida poscosecha más prolongada (en promedio $80,72 \pm 3,47$ días). El híbrido correspondiente se diferenció significativamente de ellos: **Cai** ($t = 17,12$; $p < 0,01$) y **N** ($t = 51,07$; $p < 0,05$), determinando una acción génica de dominancia parcial con frutos de vida poscosecha de $21,73 \pm 1,14$ días.

Las generaciones **F₁** se diferenciaron entre sí ($t = 19,08$; $p < 0,01$), presentando el cruzamiento intervarietal valores mayores.

El genotipo testigo no se diferenció del híbrido intervarietal ($t = 0,10$; ns) y sí lo hizo del resto de los genotipos evaluados (**Cai**: $t = 42,92$, $p < 0,01$; **Ce**: $t = 6,18$; $p < 0,01$; **N**: $t = 3,23$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x N**: $t = 2,25$; $p < 0,05$).

Porcentaje de reflectancia (L):

Los progenitores del cruzamiento intervarietal se comportaron de manera similar ($t = 1,66$; ns) y también lo hizo el híbrido correspondiente de **Cai** ($t = 0,90$; ns) y **Ce** ($t = 0,29$; ns), por lo que no se establecieron las acciones génicas de este carácter en este cruzamiento.

En el cruzamiento intravarietal los progenitores difirieron en este carácter ($t = 9,60$; $p < 0,01$), siendo **Cai** el de menores valores de **L** ($38,89 \pm 0,83$). El híbrido se comportó similar a **Cai** ($t = 1,00$; ns) y se diferenció del progenitor **N** ($t = 9,83$; $p < 0,01$), lo cual determinó una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **Cai**.

Las generaciones híbridas de ambos cruzamientos no se diferenciaron entre sí ($t = 1,53$; ns).

El genotipo testigo se diferenció del resto de los genotipos evaluados (**Cai**: $t = 5,28$, $p < 0,01$; **Ce**: $t = 2,69$; $p < 0,05$; **N**: $t = 8,47$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x Ce**: $t = 2,64$; $p < 0,05$; **F₁ Cai x N**: $t = 5,84$; $p < 0,01$), presentando un valor ($41,08 \pm 1,12$) superior a todos ellos excepto **N**.

Coefficiente a/b (C):

En el análisis del cruzamiento intervarietal los progenitores presentaron diferencias entre sí ($t = 3,26$; $p < 0,01$), siendo **Cai** el de valores menores ($1,21 \pm 0,09$). El híbrido correspondiente no se diferenció de ninguno de sus progenitores: **Cai** ($t = 0,51$; ns) y **Ce** ($t = 1,69$; ns) determinando una acción génica de aditividad.

Los progenitores del cruzamiento intravarietal se diferenciaron entre sí ($t = 3,96$; $p < 0,01$), siendo **N** el de valores menores ($0,93 \pm 0,19$). El híbrido se diferenció de ambos progenitores: **Cai**

($t = 2,74$; $p < 0,05$) y **N** ($t = 5,76$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de sobredominancia, con un valor superior a ambos progenitores de $1,33 \pm 0,10$.

Las generaciones híbridas de ambos cruzamientos tuvieron igual comportamiento para este carácter ($t = 1,53$; ns).

El genotipo testigo se diferenció del resto de los genotipos evaluados (**Cai**: $t = 2,66$, $p < 0,05$; **Ce**: $t = 8,47$; $p < 0,01$; **N**: $t = 3,08$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x Ce**: $t = 1,84$; $p < 0,05$; **F₁ Cai x N**: $t = 6,88$; $p < 0,01$), presentando un valor inferior a todos ellos excepto **N**.

Sólidos solubles (SS):

Los progenitores del cruzamiento intervarietal presentaron diferencias entre sí ($t = 9,28$; $p < 0,01$), siendo **Ce** el de mayores valores ($7,96 \pm 1,01$). El híbrido correspondiente se diferenció significativamente de ellos: **Cai** ($t = 4,50$; $p < 0,01$) y **Ce** ($t = 6,07$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de dominancia parcial presentando valores de $5,76 \pm 0,35$ ° Brix.

En el cruzamiento intravarietal los progenitores no se diferenciaron en esta característica ($t = 0,22$; ns), pero el híbrido correspondiente sí lo hizo de ambos progenitores: **Cai** ($t = 7,13$; $p < 0,01$) y **N** ($t = 6,04$; $p < 0,01$) presentando valores mayores a ambos para este carácter ($5,76 \pm 0,35$).

Las generaciones **F₁** no se diferenciaron entre sí ($t = 0,00$; ns).

El genotipo testigo no se diferenció de los progenitores del cruzamiento intravarietal (**Cai**: $t = 1,25$; ns; **N**: $t = 1,34$; ns) y sí lo hizo del resto de los genotipos evaluados (**Ce**: $t = 9,29$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x Ce**: $t = 4,63$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x N**: $t = 5,12$; $p < 0,01$).

pH (pH):

En el cruzamiento intervarietal los progenitores no presentaron diferencias ($t = 0,40$; n.s.) y tampoco lo hizo el híbrido entre ambos de **Cai** ($t = 0,73$; ns) y **Ce** ($t = 0,54$; ns), por lo que no se pudieron establecer las acciones génicas que rigen éste carácter en este cruzamiento.

Los progenitores del cruzamiento intravarietal presentaron diferencias para este carácter ($t = 7,79$; $p < 0,01$), siendo **Cai** quien presentó los mayores valores de **pH** ($4,99 \pm 0,14$). El híbrido se diferenció de **N** ($t = 4,78$; $p < 0,01$) y no lo hizo de **Cai** ($t = 1,10$; ns), lo cual determinó una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **Cai**.

Las generaciones **F₁** tuvieron un comportamiento similar ($t = 0,06$; ns).

El genotipo testigo se comportó diferente al resto de los genotipos evaluados (**Cai**: $t = 7,53$, $p < 0,01$; **Ce**: $t = 8,27$; $p < 0,01$; **N**: $t = 15,34$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x Ce**: $t = 4,61$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x N**: $t = 4,31$; $p < 0,01$), presentando un valor superior a todos ellos ($5,51 \pm 0,24$).

Acidez titulable (AT):

En el análisis de los resultados de la t de Student, los progenitores del cruzamiento intervarietal presentaron diferencias entre sí ($t = 5,01$; $p < 0,01$) siendo **Cai** el que mostró los menores valores ($4,92 \pm 0,18$). El híbrido correspondiente se diferenció significativamente de ellos: **Cai** ($t = 15,96$; $p < 0,01$) y **Ce** ($t = 13,84$; $p < 0,01$), determinando una acción génica de sobredominancia, con frutos de menor acidez titulable ($3,36 \pm 0,31$) comparados con los de sus progenitores.

En el cruzamiento intravarietal los progenitores se diferenciaron entre sí ($t = 7,19$; $p < 0,01$), siendo Caimanta el de frutos con mayor acidez titulable. El híbrido se diferenció

significativamente de **Cai** ($t = 8,21$; $p < 0,01$) pero no lo hizo de **N** ($t = 0,12$; ns), lo cual determinó una acción génica de dominancia. El fenotipo dominante fue el del progenitor **N**.

Las generaciones **F₁** presentaron diferencias entre sí ($t = 3,66$; $p < 0,01$), mostrando el híbrido intravarietal frutos con mayores valores de acidez titulable ($3,91 \pm 0,36$).

El genotipo testigo se diferenció del resto de los genotipos evaluados (**Cai**: $t = 22,17$, $p < 0,01$; **Ce**: $t = 18,20$; $p < 0,01$; **N**: $t = 9,50$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x Ce**: $t = 6,33$; $p < 0,01$; **F₁ Cai x N**: $t = 9,58$; $p < 0,01$), presentando un valor inferior a todos ellos ($2,50 \pm 0,32$).

En las fotografías N° 11, 12, 13, 14 y 15 del Anexo III se pueden observar los frutos de los progenitores y de la **F₁**.

ANÁLISIS DE LAS GENERACIONES SEGREGANTES

Aspectos morfovegetativos y fenológico

Las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones **F₂**, los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **LE** se detallan en los Gráficos 1 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 3,57$; $p < 0,01$). Para el cruzamiento intervarietal el *sesgo* fue 0,80 y la *kurtosis* 0,86; mientras que para el intravarietal, fueron 0,85 y 1,85 el *sesgo* y la *kurtosis* respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 11,7 % ($\chi^2 = 15,99$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal. Los individuos con valores superiores presentaron un valor medio de $3,82 \pm 0,08$ cm, mientras que los inferiores, $1,32 \pm 0,10$ cm. El 20,4 % ($\chi^2 = 98$; $p < 0,01$) de los individuos del cruzamiento intravarietal se

comportaron como transgresivos, presentando los superiores una media de $4,20 \pm 0,56$ cm y los inferiores, $1,47 \pm 0,14$ cm.

Para **PB** las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos se detallan en los Gráficos 2 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes no presentaron diferencias para este carácter ($t = 0,24$; ns). El *sesgo* y la *kurtosis* fueron 0,23 y 0,18 para el cruzamiento intervarietal; en el intravarietal fueron 0,09 y 0,44, respectivamente. No se encontraron individuos transgresivos para este carácter tanto en el cruzamiento intravarietal como en el intervarietal.

En los Gráficos 3 A y B (ver anexo II) se detallan las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **PM**. Las medias de ambas generaciones segregantes no presentaron diferencias para este carácter ($t = 0,16$; ns). En el cruzamiento con el taxón silvestre el *sesgo* fue -0,11 y la *kurtosis* 0,51; mientras que para el cruzamiento intravarietal fueron -0,25 y -0,11 respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 35,7 % ($\chi^2 = 389$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes en el cruzamiento intravarietal donde los superiores presentaron una media de $6,20 \pm 0,00$ cm y los inferiores de $3,48 \pm 0,39$ cm. No se encontraron individuos transgresivos en el cruzamiento intervarietal.

Las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **PA** se detallan en los Gráficos 4 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 3,49$; $p < 0,01$). Para el cruzamiento intervarietal el *sesgo* fue 1,30 y la *kurtosis* 3,09; mientras que para el intravarietal fueron 0,35 y 0,19 el *sesgo* y la *kurtosis* respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción de 38,8 % ($\chi^2 = 471$;

$p < 0,01$) de los individuos segregantes en el cruzamiento intravarietal, con una media de $0,82 \pm 0,09$ cm en los individuos de valores inferiores y de $1,80 \pm 0,00$ cm en los superiores. No se encontraron individuos transgresivos en el cruzamiento intervarietal.

Con relación a **FR** las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos se detallan en los Gráficos 5 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 14,00$; $p < 0,01$). El *sesgo* y la *kurtosis* fueron 1,01 y 0,81 para el cruzamiento intervarietal; en el intravarietal fueron 1,70 y 6,42 respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción de 17,3 % ($\chi^2 = 62,9$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes en el cruzamiento intravarietal, y no se encontraron individuos transgresivos en el cruzamiento intervarietal. En el primer caso los fenotipos con valores superiores presentaron en promedio $10,46 \pm 2,30$ flores por racimo, mientras que en los inferiores el valor medio fue de $3,5 \pm 0,19$ flores por racimo.

Para **R**, en los Gráficos 6 A y B (ver anexo II), se detallan las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos. Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 5,80$; $p < 0,01$). En el cruzamiento con el taxón silvestre el *sesgo* fue -0,58 y la *kurtosis* -0,19; mientras que para el cruzamiento intravarietal fueron -0,74 y -0,32 respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 9,2 % ($\chi^2 = 7,22$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal, donde los superiores presentaron un valor medio de $12,25 \pm 0,62$ racimos y los inferiores de $3 \pm 0,00$; y del 81,6 % ($\chi^2 = 2423$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intravarietal con un

valor medio de $8,15 \pm 0,97$ racimos para los individuos transgresivos superiores y de $3 \pm 0,00$ para los inferiores.

Con respecto a **HC** el número de plantas F_2 en el cruzamiento intervarietal con hábito de crecimiento indeterminado fue 146 y con hábito de crecimiento determinado fue 50 ($\chi^2 = 0,03$; ns). En el cruzamiento intravarietal, el número de plantas F_2 con hábito de crecimiento indeterminado fue 152 y con hábito de crecimiento determinado fue 44 ($\chi^2 = 0,68$; ns).

Para el carácter **TH** en los individuos segregantes provenientes del cruzamiento intravarietal hubo 157 con hojas normales y 39 con hojas modificadas tipo “papa” ($\chi^2 = 2,72$; ns).

Las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios y su desvío estándar para **DF** se detallan en los Gráficos 7 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 13,21$; $p < 0,01$). El sesgo fue 2,35 y la *kurtosis* 10,87 para el cruzamiento intervarietal, y 0,98 y 2,10 respectivamente para el cruzamiento intravarietal. No se encontraron individuos transgresivos para este carácter en ambos cruzamientos.

En la fotografía N° 16 (Anexo III) se puede observar la segregación para los caracteres morfovegetativos y fenológico. El surco de la izquierda corresponde al cruzamiento intervarietal y el de la derecha al intravarietal, apreciándose la diferencia de altura obtenida por los individuos del primer cruzamiento relacionada con su desarrollo y precocidad.

Calidad de los frutos

Las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **P** se detallan en los Gráficos 8 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este

carácter ($t = 16,69$; $p < 0,01$). Para el cruzamiento intervarietal el *sesgo* fue 1,23 y la *kurtosis* 2,32; mientras que para el intravarietal fueron 0,84 y 0,92, el *sesgo* y la *kurtosis* respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 14,5 % ($\chi^2 = 32,5$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes en el cruzamiento intravarietal, todos con valores inferiores ($8,11 \pm 2,24$ g). Por otra parte no se encontraron individuos transgresivos en el cruzamiento intervarietal.

En los Gráficos 9 A y B (ver anexo II) se detallan las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **D**. Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 16,64$; $p < 0,01$). El *sesgo* y la *kurtosis* fueron 0,38 y 0,33 para el cruzamiento intervarietal; en el intravarietal fueron 0,03 y 0,06 respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 52,6 % ($\chi^2 = 825$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes en el cruzamiento intravarietal, todos con valores inferiores ($3,09 \pm 0,37$ cm). No se encontraron individuos transgresivos en el cruzamiento intervarietal.

Con respecto a la variable **A** las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F_2 , los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos se detallan en los Gráficos 10 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 15,76$; $p < 0,01$). En el cruzamiento con el taxón silvestre el *sesgo* fue 0,17 y la *kurtosis* 0,30; mientras que para el otro cruzamiento fueron 0,07 y 0,39 respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 25,4 % ($\chi^2 = 152$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes en el cruzamiento intravarietal con valores inferiores ($2,09 \pm 0,24$ cm). No se encontraron individuos transgresivos en el cruzamiento intervarietal.

En los Gráficos 11 A y B (ver anexo II) se detallan las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F₂, los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **F**. Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 6,25$; $p < 0,01$). El *sesgo* fue -0,07 y la *kurtosis* -0,55 para el cruzamiento intervarietal, y 0,64 y 0,004 respectivamente para el cruzamiento intravarietal. No se encontraron individuos transgresivos para este carácter en el cruzamiento intervarietal y sí los hubo en una proporción del 17,9 % ($\chi^2 = 56,1$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes en el cruzamiento intravarietal, con valores medios de $0,64 \pm 0,01$ para los de comportamiento inferior y $0,87 \pm 0,03$ para los superiores.

Las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F₂, los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **VP** se detallan en los Gráficos 12 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes no presentaron diferencias para este carácter ($t = 0,83$; ns). Para el cruzamiento intervarietal el *sesgo* fue 0,84 y la *kurtosis* 0,74; mientras que para el intravarietal fueron 1,42 y 1,88 el *sesgo* y la *kurtosis* respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 30,4 % ($\chi^2 = 235$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal donde los superiores presentaron una media de $40,39 \pm 5,50$ días y los inferiores de $8,58 \pm 2,13$; y del 24,3 % ($\chi^2 = 135$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intravarietal, todos inferiores con valores de $9,09 \pm 1,55$ días.

Las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F₂, los valores medios y su desvío estándar para **L** se detallan en los Gráficos 13 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 5,67$; $p < 0,01$). Para el cruzamiento intervarietal el *sesgo* fue 1,40 y la *kurtosis* 5,01; mientras que para el intravarietal

fueron 2,66 y 13,32 el *sesgo* y la *kurtosis* respectivamente. No se encontraron individuos transgresivos en ambos cruzamientos.

En cuanto a C, las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F₂, los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos se detallan en los Gráficos 14 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes no presentaron diferencias para este carácter ($t = 1,23$; ns). El *sesgo* y la *kurtosis* fueron -0,54 y 0,08 para el cruzamiento intervarietal; en el intravarietal fueron -0,01 y 1,11 respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 28,2 % ($\chi^2 = 188,0$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal con valores de $0,95 \pm 0,09$ los inferiores y $1,53 \pm 0,04$ para los superiores; y del 49,6 % ($\chi^2 = 566,0$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intravarietal, donde los individuos superiores presentaron una media de $1,57 \pm 0,19$ y los inferiores de $0,44 \pm 0,00$.

En las fotografías N° 17 y 18 se observan la segregación para forma, color y tamaño de fruto en las generaciones F₂ de ambos cruzamientos.

En los Gráficos 15 A y B (ver anexo II) se detallan para la variable SS las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F₂, los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos. Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 4,24$; $p < 0,01$). El *sesgo* fue 0,30 y la *kurtosis* -0,01 para el cruzamiento intervarietal; y 0,26 y -0,27 respectivamente para el cruzamiento intravarietal. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 32,0 % ($\chi^2 = 163,6$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal con valores medios de $3,82 \pm 0,67$ y $10,30 \pm 0,00$ para los inferiores y superiores respectivamente; y del 72,5 % ($\chi^2 = 1045$; $p <$

0,01) de los individuos segregantes del cruzamiento intravarietal, presentando un valor medio de $3,88 \pm 0,55$ los individuos inferiores y $6,21 \pm 0,51$ los superiores.

Las distribuciones de frecuencias fenotípicas de las generaciones F₂, los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **pH** se detallan en los Gráficos 16 A y B (ver anexo II). Las medias de ambas generaciones segregantes no presentaron diferencias para este carácter ($t = 1,90$; $p < 0,01$). Para el cruzamiento intervarietal el *sesgo* fue 3,80 y la *kurtosis* 27,19; mientras que para el intravarietal fueron 1,50 y 6,66 el *sesgo* y la *kurtosis* respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 33,0 % ($\chi^2 = 175$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal, donde los superiores presentaron una media de $5,43 \pm 0,49$ y los inferiores de $4,59 \pm 0,16$; y del 31,5 % ($\chi^2 = 972$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intravarietal con valores promedios de $5,61 \pm 0,39$ y $4,34 \pm 0,11$ para los individuos superiores e inferiores respectivamente.

Los Gráficos 17 A y B (ver anexo II) describen las distribuciones fenotípicas de las generaciones F₂, los valores medios, su desvío estándar y el porcentaje de individuos transgresivos para **AT**. Las medias de ambas generaciones segregantes presentaron diferencias para este carácter ($t = 9,74$; $p < 0,01$). El *sesgo* y la *kurtosis* fueron 1,70 y 6,10 para el cruzamiento intervarietal; en el intravarietal fueron 2,53 y 10,79 respectivamente. Se encontraron individuos transgresivos para este carácter en una proporción del 86,8 % ($\chi^2 = 1493,0$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal con valores promedios de $8,06 \pm 1,99$ y $3,14 \pm 0,70$ para los individuos superiores e inferiores respectivamente; y del 59,4 % ($\chi^2 = 661$; $p < 0,01$) de los individuos segregantes del cruzamiento intravarietal, donde los superiores presentaron una media de $7,32 \pm 2,26$ y los inferiores de $2,28 \pm 0,57$.

Los valores de GDG obtenidos para los distintos caracteres en ambos cruzamientos se detallan en los Gráficos 1 al 17 A y B. Para el cruzamiento intervarietal los mayores valores se presentaron en **PA, FR, R, DF, L, SS, pH** y **AT**. El resto de los caracteres presentaron valores entre 0,27 y 0,55, para **C** no se encontró componente genético en la variabilidad del carácter. En el cruzamiento intravarietal los mayores valores de GDG se encontraron en **LE, PM, FR, R, DF, L, C** y **AT**. Los demás caracteres presentaron valores entre 0,37 y 0,52.

ANÁLISIS DE LAS CORRELACIONES FENOTÍPICAS

Los valores y significación de las correlaciones fenotípicas de las distintas variables en las generaciones F_2 evaluadas se detallan en las Tablas N° 3 y 4 (ver anexo I).

Cruzamiento intervarietal

Para los caracteres medidos en planta se encontraron correlaciones fenotípicas entre: **LE** y **PB** en forma negativa; **PM** y **PB** en forma positiva; **PA** y **R** en forma negativa; **FR** y **DF** en forma negativa. Las correlaciones entre los caracteres medidos en planta y los medidos en fruto en su mayoría fueron no significativas, con algunas excepciones como: **PB** y **PM** con **P, D, A** en forma positiva y con **F** en forma negativa; **R** y **L** en forma negativa; y **FR** con **pH** en forma positiva; **LE** y **VP** en forma positiva. **FR** también presentó correlaciones negativas y significativas con **P, D** y **A**.

Entre las correlaciones fenotípicas encontradas para los caracteres medidos en fruto en los individuos F_2 se destacan las siguientes: **P, D** y **A** entre sí en forma positiva; **D, A** y **P** con **F** en

forma negativa; **SS** y **AT** en forma positiva; **AT** y **pH** en forma negativa; y **SS** con **P**, **D**, **A**, **L**, **pH** y **VP** en forma negativa; **L** y **C** en forma negativa. El carácter **VP** se correlacionó en forma positiva con **A**, **F** y **L**, pero en todos los casos con valores que no superaron una correlación de 0,22.

Cruzamiento intravarietal

Las correlaciones fenotípicas encontradas para los caracteres medidos en planta en los individuos **F₂** fueron de valores medios a bajos (no superando 0,48), y se establecieron entre: **PM** y **PB** en forma positiva; **PA** con **PM** y **PB** en forma positiva; **DF** con **LE** y **PA** en forma negativa. Se hallaron correlaciones entre los caracteres medidos en planta y los medidos en fruto sólo para: **PM** con **F** y **SS** en forma negativa; **PM** y **D** en forma positiva; **PA** y **F** en forma negativa; **PB** con **F** y **AT** en forma negativa; **R** y **pH** en forma negativa; **DF** y **C** en forma positiva.

Dentro de las correlaciones fenotípicas encontradas para los caracteres medidos en fruto se destacan las siguientes: entre **P**, **D** y **A** en forma positiva; **D** con **F** en forma negativa; **SS** con **P**, **D**, **A** y **L** en forma negativa y con **AT** en forma positiva; **pH** y **A** en forma positiva; **AT** con **P**, **D**, **A** y **pH** en forma negativa; **L** y **C** en forma negativa; **VP** con **F** y **L** en forma positiva.

DISCUSIÓN

Los valores encontrados para los caracteres evaluados en la presente experiencia en los progenitores se encuentran dentro de los rangos hallados por otros autores en trabajos anteriores (Pratta *et al.*, 1996 y Zorzoli *et al.*, 1998).

La magnitud de la variancia de los caracteres medidos debiera ser similar en los progenitores y en las generaciones F_1 respectivas, al asumirse que en ellos toda la variación presente es de origen ambiental al ser cultivados en condiciones ambientales similares. Sin embargo, debido fundamentalmente a la diferencia de origen de los germoplasmas utilizados como progenitores (**Cai** es una variedad cultivada, **Nor** es una variedad mutante y **Ce** es un material silvestre) probablemente la variancia ambiental se exprese de distinta forma en cada genotipo, lo cual se traduce en una homeostasis fisiológica diferente de cada uno de ellos. Por otra parte, la menor variancia de los caracteres medidos en las generaciones F_1 podría ser relacionado con la mayor homeostasis fisiológica presente en los genotipos heterocigotas.

Al analizar los aspectos morfovegetativos en el híbrido proveniente del cruzamiento intervarietal este presentó plantas con hábito de crecimiento indeterminado y gran desarrollo vegetativo como lo indican los valores de **PB** y **PM** con características similares a las de su progenitor **Cai**. Este hecho está relacionado con las acciones génicas de dominancia encontradas para estos caracteres, expresando el híbrido un desarrollo mucho mayor en comparación con su progenitor silvestre.

Este híbrido tuvo un comportamiento similar a su progenitor silvestre con respecto a la capacidad de producción de frutos, con valores similares a este para el número de flores por

racimo y la cantidad de racimos por planta. Las acciones de dominancia ejercidas por el progenitor silvestre en la determinación de estas características coinciden con los resultados hallados por Pratta *et al.* (2000).

La precocidad de floración de este genotipo fue intermedia a sus progenitores y se relacionó con el efecto de aditividad encontrado.

Si bien no se encontró en esta experiencia, al analizar las acciones génicas, la presencia de efectos heteróticos como otros autores proponen para la combinación híbrida de taxones silvestres y cultivados (Lindhout *et al.*, 1991) el híbrido intervarietal presentó un buen crecimiento, con gran capacidad de sus plantas de mantener un buen anclaje y de soportar racimos con gran número de frutos.

El híbrido intravarietal presentó plantas con hábito de crecimiento indeterminado y gran desarrollo vegetativo como lo demuestran los valores encontrados para **PB** y **PM**, con características similares a las de su progenitor **N**, relacionado con las acciones génicas de dominancia encontradas para estos caracteres.

En cuanto a la potencialidad de producción de frutos, evaluada a través del número de racimos por planta y el número de flores por racimo, éste híbrido presentó mayores valores en relación con los progenitores que lo originaron, expresándose un efecto heterótico para estas características. Este genotipo floreció más precozmente que los progenitores que le dieron origen expresando efectos de sobredominancia para este carácter.

Comparando los híbridos antes detallados, se pudo observar un comportamiento similar en cuanto al hábito de crecimiento indeterminado y al gran desarrollo vegetativo. Por otra parte, el híbrido intervarietal presentó mayor capacidad de producir frutos comparado con los valores

observados en el híbrido intravarietal (**FR** y **R**). Con respecto a la precocidad el comportamiento de ambos híbridos fue similar.

En resumen las acciones génicas involucradas en los aspectos morfovegetativos encontradas en esta experiencia coincidieron con lo observado por Pratta, G. (1998) en distintos genotipos del género *Lycopersicon*.

Aquellos caracteres directamente relacionados con la calidad de los frutos son aspectos muy importantes para la aceptación del fruto de tomate tanto por los consumidores como para los estándares de comercialización.

El híbrido intervarietal presentó frutos pequeños, livianos y de forma achatada (tipo “platense” como el progenitor **Cai**), de mayor peso y tamaño que su progenitor silvestre pero mucho más pequeños que los del progenitor cultivado, en correspondencia con los efectos de dominancia parcial encontrados. Similares resultados de disminución del peso de los híbridos con especies silvestres fueron descritos por otros autores (Bianchi *et al.*, 1953; Stoner y Thompson, 1966; Weller *et al.*, 1988; Zorzoli *et al.*, 1998). Coincidentemente Weller *et al.* (1988) proponen la existencia de poligenes con efectos dominantes en los taxones silvestres que ocasionarían la reducción observada en el peso de los frutos provenientes de sus híbridos.

Por su parte, el híbrido intravarietal presentó frutos pequeños y livianos de forma achatada (tipo “platense” como el progenitor **Cai**), de menor peso y tamaño que ambos progenitores, relacionado con los efectos de sobredominancia encontrados.

Al comparar ambos híbridos en relación con el tamaño y forma de los frutos se observó que el híbrido intervarietal presentó frutos más pequeños y livianos, con forma más esférica (sin llegar a ser redondos) con respecto al híbrido intravarietal.

El genotipo testigo presentó frutos grandes y pesados como los del progenitor cultivado, de forma achatada del tipo “platense” pero un poco más redondeados.

El color es para el consumidor un indicador de un mejor sabor. El color rojo depende del contenido en licopeno y en menor medida de β -caroteno cuya biosíntesis es controlada por un locus (Rego *et al.*, 1999). Con respecto al color, algunos autores (Genta *et al.*, 1992; Stevens, 1986) afirman que es afectado por las temperaturas pudiendo los frutos tener más coloración naranja que la deseada, por lo tanto es importante evaluar este carácter en condiciones homogéneas de maduración de los frutos.

El híbrido intervarietal presentó frutos de coloración roja a la madurez, como lo indican los valores de **L** y **C** encontrados, en similitud con los genotipos que le dieron origen.

Los frutos del híbrido intravarietal presentaron color rojo, de matiz intenso (**C**) a la madurez, con valores mayores a sus progenitores.

El genotipo testigo presentó frutos de color rojizo a la madurez, con elevada reflectancia.

Como se mencionó anteriormente, el sabor del fruto de tomate está determinado principalmente por los niveles de azúcares y ácidos, de manera que al aumentar los niveles de estos aumenta también el sabor (Jones y Scott, 1983).

El híbrido intervarietal presentó valores de sólidos solubles más próximos a los de **Cai**, pH similar a sus progenitores y una acidez titulable menor.

El híbrido intravarietal por su parte presentó mayores valores de sólidos solubles que los progenitores que le dieron origen, **pH** similar a **Cai** y valores de acidez titulable similares a **N**. Lower y Thompson (1967) encontraron efectos heteróticos para el contenido de sólidos solubles en generaciones F_1 entre distintos cultivares. Si bien en esta experiencia no se pudieron determinar las

acciones génicas para el cruzamiento intravarietal, esta F_1 fue superior para el contenido en **SS** a ambos progenitores.

Con respecto a la vida poscosecha de los frutos el híbrido intervarietal presentó valores más próximos al progenitor silvestre (progenitor de mayor **VP**). El híbrido intravarietal para este carácter presentó una **VP** más próxima a **Cai** (progenitor de menor **VP**). Estas situaciones sugieren la presencia de genes que prolongan la vida poscosecha en el taxón silvestre, distintos en su acción génica al locus *nor* tal como postularon Pratta *et al.*, 1996 y Zorzoli *et al.*, 1998.

Aunque el mutante *nor* ha sido descrito como recesivo varios autores también han encontrado un efecto en los heterocigotas de los cruzamientos con este mutante para la madurez, produciendo frutos que maduran más lentamente que el progenitor normal (Brady *et al.*, 1983; Ng y Tigchelaar, 1977; Tigchelaar *et al.*, 1978).

Según Milkova (1976) en los cruzamientos intravarietales del tomate cultivado predominan los efectos aditivos mientras que en las cruza con taxones silvestres los no aditivos serían más significativos. En esta experiencia no se corroboraron tales resultados para la totalidad de los caracteres evaluados, sino que prevalecieron las acciones de efectos aditivos y de dominancia parcial en el cruzamiento intervarietal, mientras que hubo una mayor proporción de efectos no aditivos en la determinación genética de los caracteres evaluados en el cruzamiento intravarietal.

La presencia de variabilidad es indispensable para la mejora de un cultivo, a la vez es importante determinar cuanto de la variabilidad fenotípica encontrada en las poblaciones segregantes se debe a factores ambientales y cuanto a factores genéticos.

Al analizar los factores que influyeron en la variación de los fenotipos en las generaciones segregantes para los aspectos morfovegetativos y fenológico en el cruzamiento intervarietal se

pudo observar que una parte de dicha variación se debió a causas de índole genética, los mayores valores se observaron en el perímetro del tallo en la porción apical, el número de flores por racimo, el número de racimos por planta y los días a floración ya que los valores de GDG obtenidos fueron altos para estos caracteres. Para la longitud de entrenudos y el perímetro del tallo en la porción basal y media los valores de GDG variaron entre 0,26 y 0,42.

Con respecto al cruzamiento intravarietal, y en relación con los aspectos antes mencionados, la longitud de entrenudos, el perímetro del tallo en la porción media, el número de flores por racimo, el número de racimos por planta y los días a floración presentaron los mayores componentes genéticos en la determinación de la variabilidad fenotípica observada en las generaciones segregantes, con altos valores de GDG. Para el resto de las características que determinan el tamaño de las plantas el componente genético fue menor en correspondencia con valores intermedios de GDG (0,38 y 0,46).

Para los caracteres de calidad de fruto, en relación con las causas de la variación fenotípica observada en las generaciones segregantes (Anexo II) del cruzamiento intervarietal, también se halló un importante componente de variancia genética para los caracteres determinantes del sabor y el porcentaje de reflectancia, valores menores se hallaron en los caracteres que determinan la apariencia y la vida poscosecha del fruto (entre 0,28 y 0,55).

Dentro del cruzamiento intravarietal los mayores valores de GDG, se encontraron en el color y la acidez titulable del fruto asociados a mayores valores de GDG. Para los caracteres que definen la apariencia (peso, diámetro, altura y forma del fruto), el pH, el contenido de sólidos solubles y la vida poscosecha del fruto los valores de GDG fueron menores (entre 0,37 y 0,52).

Lower y Thompson (1967) encontraron en sus experiencias que la herencia de la acidez es mayormente cuantitativa y que el componente más importante de la variación genética que afecta este carácter era aditivo.

Ibarbia y Lambert (1969) estimaron que la variación alélica de tres genes controlaba el contenido de sólidos solubles. Por su parte Walkof y Hyde (1963) concluyeron que la acidez es altamente heredable. Por otro lado, los valores de heredabilidad en sentido amplio (GDG) encontrados en los caracteres de calidad del fruto son coincidentes con los hallados por Stevens (1986) en sus trabajos con distintos cultivares de tomate.

La transgresión es definida como la aparición de individuos en las generaciones segregantes que están fuera de los límites de variación definidos por el fenotipo de sus progenitores parentales y la F₁ del cruzamiento respecto a una o más características. Esto a menudo es observado en las progenies derivadas de cruzamientos interespecíficos (Darlington y Mather, 1949; Vega y Frey, 1980).

Según Lewontin y Birgh (1966) los individuos transgresivos pueden poseer características que les permitan ocupar nuevos nichos ecológicos o competir mejor en los ambientes existentes. La transgresión interespecífica es también importante con respecto al mejoramiento de los cultivos, ya que representa una fuente potencial de variación genética nueva (de Vicente y Tanksley, 1993). Mientras muchos de los fenotipos transgresivos encontrados en las progenies de cruzamientos distantes no tienen un valor práctico obvio, hay un número importante de casos documentados donde nuevos caracteres de importancia agronómica han aparecido en la descendencia de cruzamientos entre plantas cultivadas y sus variedades silvestres relacionadas (Frey *et al.*, 1981; Rick y Smith, 1953; Reeves y Bockholt, 1964; Harlan, 1976).

Se considera que la principal causa de la presencia de herencia transgresiva es la acción complementaria de genes presentes en los dos progenitores (de Vicente y Tanksley, 1993 y Singh *et al.*, 1999). Según Hiorth (1985) siempre se esperan transgresiones en F_2 , cuando los genes segregantes están distribuidos en los dos progenitores y tienen efectos aditivos.

Para algunos caracteres de Vicente y Tanksley (1993) encontraron una regresión negativa entre la diferencia de valores medios de los progenitores y la aparición de individuos transgresivos, de manera que fenotipos similares podrían ser más apropiados para obtener individuos transgresivos y se asemejaría a lo ocurrido en la mayoría de los caracteres del cruzamiento intravarietal estudiado en la presente experiencia. Estos resultados en principio pueden ser contradictorios, pero los autores postulan que podrían ser explicados si los dos progenitores contienen diferentes juegos de genes positivos y negativos (de efectos contrapuestos) para lograr medias fenotípicas similares en algunos caracteres; de ser esto así, se podría predecir una alta proporción de genes con efectos alélicos opuestos para el carácter en cuestión pero que determinan en los progenitores similares valores medios. Según de Vicente y Tanksley (1993) aunque la sobredominancia no es el mayor factor que contribuye a la transgresión en cruzas entre genotipos divergentes, este mecanismo genético puede llevar a la segregación transgresiva y podría explicar lo ocurrido en esta experiencia con los caracteres antes descritos.

En esta experiencia se encontraron individuos transgresivos en 7 de los 17 caracteres evaluados en el cruzamiento intervarietal y en 14 de los 17 evaluados en el cruzamiento intravarietal. Estos resultados indicarían que las distancias genéticas entre Cai y Ce por un lado, y Cai y N por otro serían similares para algunos caracteres por pertenecer los tres genotipos progenitores a la misma especie. Evidentemente la transgresión en algunos casos podría explicarse

por interacción de genes complementarios mientras que en otros se debería a la combinación de genes aditivos.

La presencia de distribuciones sesgadas a valores menores a ambos progenitores según Hiorth (1985) podría deberse a causas tales como: exceso de genes *minus* dominantes, aditividad geométrica de los genes *plus*, disminución progresiva de los efectos de los genes *minus* con un número creciente de ellos o aproximación a un límite fisiológico inferior. Las distribuciones que presentan un sesgo hacia valores mayores a ambos progenitores en contraposición se deberían a causas opuestas a las mencionadas anteriormente (Smith, 1944; Hiorth, 1985; Lippman y Tanksley, 2001).

Dentro de los aspectos morfovegetativos y fenológico podemos observar que para el perímetro del tallo en su porción media y días a floración, la incorporación del taxón silvestre produjo una variabilidad en la generación F₂ menor a la presente en el cruzamiento intravarietal. Esto se correspondió para el perímetro del tallo en la parte media con la ausencia de individuos transgresivos en el cruzamiento intervarietal, que sí los hubo en el intravarietal. Para días a floración en ambos cruzamientos no hubo individuos transgresivos, pero el cruzamiento intervarietal presentó valores de sesgo superiores y una tendencia hacia el valor del progenitor silvestre como lo reflejan los valores de *kurtosis* observados. Fue evidente entonces una acción muy importante del genoma silvestre en la segregación, pues un número importante de individuos tuvieron un comportamiento similar a este.

En relación con el carácter número de flores por racimo, la incorporación del taxón silvestre produjo una variabilidad mayor en la generación F₂ con respecto a la producida en el cruzamiento intravarietal donde se observa una concentración de individuos hacia los menores valores, tal a los valores de *kurtosis* encontrados.

En cuanto a los aspectos relacionados con la calidad de los frutos y para los caracteres peso, diámetro y altura de los frutos, que hacen a la apariencia de los mismos, se observó una variabilidad menor en el cruzamiento intervarietal en comparación con lo hallado en el intravarietal, como lo indican los mayores valores de *kurtosis*, fundamentalmente producida por el efecto del taxón silvestre, disminuyendo el peso y tamaño de los frutos, al concentrarse gran cantidad de individuos en torno al valor de dicho progenitor como lo reflejan los valores mayores de sesgo obtenidos para tales variables en el cruzamiento intervarietal. Si bien en el caso del cruzamiento intravarietal también se produjo la reducción de peso y tamaño de los frutos, la distribución de los individuos F₂ fue más amplia.

Esto puede ser explicado a través de lo que postulan algunos autores que para el peso de los frutos existen efectos geoméricamente aditivos cuando se cruzan genotipos de frutos de tamaño pequeño con genotipos con frutos de tamaño grande (Mac Arthur y Butler, 1938; Hiorth, 1985). Weller *et al.* (1988) postularon que en las especies silvestres existen poligenes con efectos dominantes que causarían la reducción observada en el peso. Así mismo, Singh *et al.* (1999) y Cheema *et al.* (1996) encontraron efectos aditivos y no aditivos que regulaban el peso de los frutos de tomate. Los genetistas clásicos han sugerido que entre 5 y 20 genes están involucrados en la herencia del peso del fruto de tomate (Powers, 1941; Fogle y Currence, 1950; Ibarbia y Lambeth, 1969). Es probable que estos genes estén involucrados en una variedad de vías distintas en el desarrollo del fruto, cada uno contribuyendo al tamaño final. Por ejemplo, los estudios de desarrollo indican que el tamaño es una función del número de células dentro del ovario previo a la fertilización, el número de fertilizaciones exitosas, el número de divisiones celulares que ocurren dentro del desarrollo del fruto posterior a la fertilización y el grado de elongación de las células (Bhoner y Bangerth, 1988; Gillapsy *et al.*, 1993).

Con estudios recientes de marcadores moleculares se ha identificado un *QTL* mayor para el peso de los frutos, denominado *fw 2.2*, ubicado en el cromosoma 2 del tomate que está presente en las especies silvestres y que ha tenido una sustitución alélica durante la domesticación del tomate cultivado (Alpert y Tanksley, 1996). Según estos autores el *fw 2.2* ha explicado entre el 5 y el 30 % de la variación fenotípica para el peso en poblaciones segregantes de cruzamientos entre especies silvestres y cultivares comerciales y más del 47 % en poblaciones líneas *NIL*'s. Frary *et al.* (2000) a través de un mapeo de alta resolución del *QTL fw 2.2* ha identificado un alelo que modula el tamaño del fruto al controlar el número de células carpelares antes de la antesis, sugiriendo que este alelo puede ser un regulador negativo en la división celular que se ha perdido en el proceso de domesticación del tomate.

Para la vida poscosecha la incorporación del genotipo silvestre produjo sobre el tomate cultivado un efecto similar al producido por el mutante, generando distribuciones similares de individuos F_2 , aunque de acuerdo a los valores de *sesgo* y *kurtosis* encontrados podría deducirse una mayor variabilidad para el cruzamiento intervarietal. En correspondencia se encontraron individuos transgresivos en similares proporciones en las generaciones segregantes de ambos cruzamientos, lo que implicaría que si bien los genes del taxón silvestre son diferentes a los del mutante *nor*, el efecto que producen sobre la cultivar Caimanta alcanzó la misma magnitud en esta experiencia.

Las correlaciones encontradas entre los caracteres perímetro del tallo en sus partes basal, medio y apical, tanto para un cruzamiento como para el otro coinciden con los resultados encontrados por Pratta *et al.* (1996) y Pratta (1998). El crecimiento vegetativo de las plantas se asocia directamente con el tamaño y el peso de los frutos, ya que un desarrollo vegetativo importante asegura los fotoasimilados necesarios para la producción de frutos de mayor peso y

tamaño. En esta experiencia se encontraron correlaciones entre este tipo de variables en el cruzamiento intervarietal como lo han mencionado otros autores trabajando con diferentes materiales (Stevens, 1986; Tigchelar, 1986; Vallejo Cabrera *et al.*, 1994; Pratta *et al.*, 1996 y Pratta, 1998).

MacGillivary y Clemente (1956), Goldenberg y Von der Pahlen (1966), Paterson *et al.* (1991) y Zorzoli *et al.* (1998) encontraron correlaciones negativas entre el tamaño de los frutos y el contenido de sólidos solubles como ocurrió en esta experiencia en ambos cruzamientos. Por su parte algunos autores consideran que el aumento en el peso y tamaño de los frutos se debe a un aumento en el tamaño de las células por acumulación de agua y no a un incremento en el número de células del mismo, ya que éstas se definen en los estadíos tempranos de desarrollo del fruto, por lo que se esperaría que un mayor tamaño esté asociado a un menor contenido de sólidos solubles (Stevens, 1986).

El contenido de sólidos solubles está representado en el mayor porcentaje por azúcares, mientras que el resto está constituido principalmente por los ácidos cítrico y málico, minerales, lípidos y otros compuestos en bajas concentraciones. La acidez mide la cantidad de ácido málico y cítrico presentes en el fruto de tomate por lo que se esperaría encontrar una asociación positiva entre este carácter y el contenido en sólidos solubles tal como ocurrió en ambos cruzamientos.

Coincidentemente con lo observado en esta experiencia en los dos cruzamientos evaluados, otros autores han encontrado bajas correlaciones negativas y significativas entre la acidez y el pH del fruto (Davies, 1965; Paulson y Stevens, 1974; Stevens, 1986); por su parte Young *et al.* (1993) encontraron altas correlaciones negativas en sus materiales.

CONCLUSIONES

- ✓ Los híbridos provenientes de ambas cruzas tuvieron similar comportamiento con respecto a la arquitectura de planta y el color, contenido de sólidos solubles y pH de los frutos.
- ✓ El híbrido intervarietal presentó frutos más redondos, con más prolongada vida poscosecha, de menor tamaño y menores valores de acidez titulable y una mayor producción potencial de frutos en comparación con el intravarietal.
- ✓ Las acciones génicas en el cruzamiento intervarietal fueron de dominancia parcial para perímetro del tallo en su parte apical, días a floración, peso, tamaño y forma de los frutos, color y contenido de sólidos solubles y la vida poscosecha; dominancia para perímetro del tallo en sus partes basal y apical, flores por racimo y racimos por planta; y de sobredominancia para acidez titulable.
- ✓ En el cruzamiento intravarietal las acciones génicas fueron de sobredominancia para perímetro del tallo en su parte apical, flores por racimos, racimos por planta, días a floración, peso, tamaño y color de los frutos; de dominancia parcial para vida poscosecha y total para perímetro del tallo en las partes basal y media, porcentaje de reflectancia, pH y acidez titulable de los frutos.
- ✓ La incorporación del genoma silvestre, en comparación con el mutante, generó una distribución más amplia de individuos F_2 para los caracteres flores por racimo, racimos por planta, forma y contenido de sólidos solubles de los frutos. En contraposición la distribución fue más estrecha para días a floración, peso, tamaño y acidez titulable de los frutos, y se observó un efecto similar en longitud de entrenudos, perímetro del tallo en sus partes basal,

media y apical, color, pH y vida poscosecha de los frutos. El efecto de la combinación del mutante *nor* con el genotipo **Cai** produjo en los individuos F₂ frutos con mayores valores de porcentaje de reflectancia.

- ✓ Los valores de GDG obtenidos para el cruzamiento intervarietal en esta experiencia demostraron la presencia de variabilidad genética, siendo mayor para perímetro del tallo en su parte apical, flores por racimo, racimos por planta, días a floración, porcentaje de reflectancia, sólidos solubles, pH y acidez titulable de los frutos.
- ✓ En el cruzamiento intravarietal los mayores valores de GDG fueron para longitud de entrenudos, perímetro del tallo en su parte media, flores por racimo, racimos por planta, días a floración, porcentaje de reflectancia, coeficiente **a/b** y acidez titulable de los frutos.
- ✓ Se encontraron individuos transgresivos en 7 de los 17 caracteres evaluados en el cruzamiento intervarietal, y en 14 de los evaluados en el cruzamiento intravarietal.
- ✓ Se encontraron en ambos cruzamientos asociaciones negativas entre el tamaño de los frutos y el contenido en sólidos solubles y entre el desarrollo vegetativo y la forma esférica de los frutos y asociaciones positivas entre el tamaño (definido por D y A) y el peso de los frutos.
- ✓ Los individuos segregantes de ambos cruzamientos ampliaron la variabilidad presente para los caracteres de interés agronómico estudiados.

CONSIDERACIONES FINALES

Los cruzamientos inter e intravarietales produjeron individuos con características diferentes a los progenitores que los originaron para los caracteres de interés agronómico evaluados en la presente experiencia. Estas combinaciones nuevas ampliaron la variabilidad fenotípica presente para estos caracteres y posibilitarían la mejora de los mismos.

Por un lado, la línea perteneciente al taxón silvestre fundamentalmente aportó características que no poseen los cultivares comerciales. Entre los individuos segregantes del cruzamiento intervarietal existe variabilidad genética para tales características. A partir de esta generación F_2 se podrán seleccionar individuos con mayor producción potencial de frutos, mayor precocidad, mejor calidad de fruto debido a su color y contenido de sólidos solubles y con larga vida poscosecha. Si bien estos materiales presentaron una reducción en el peso y tamaño de los frutos, se podría ejercer una fuerte selección direccional para obtener genotipos con valores acordes a los requeridos por el mercado para consumo en fresco. No obstante, presentan un tamaño adecuado para la comercialización como tomate *cherry*.

Por otra parte, el mutante Nor también aportó características no presentes en el cultivar comercial. Los individuos segregantes del cruzamiento intravarietal también presentaron variabilidad genética para características de interés agronómico. Si bien sería posible seleccionar individuos con una mayor producción potencial de frutos y una prolongación en la vida poscosecha, este último carácter no satisfizo las expectativas basadas en los valores del progenitor mutante. Además, la modificación en el contenido en sólidos solubles y la acidez fueron menores a las producidas por el germoplasma silvestre, y se observó también una reducción en el peso y tamaño de los frutos.

En consecuencia, estos resultados avalan la hipótesis de que la accesión LA1385 de *L. esculentum* var. *cerasiforme*, cuya acción génica difiere del genotipo mutante, se convertiría en una alternativa para el mejoramiento del cultivo de tomate.

Las acciones génicas encontradas así como la magnitud de la variabilidad genética que definen a los caracteres estudiados permitirían establecer las adecuadas estrategias para llevar a cabo un proceso de mejoramiento sobre los individuos segregantes encontrados.

BIBLIOGRAFÍA

- Alpert, K. and Tanksley, S.D. 1996. High-resolution mapping and isolation of a yeast artificial chromosome contig containing *fw 2.2*: A mayor fruit weight quantitative trait locus in tomato. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 93: 15503 – 15507.
- Bathgate, B., Purton, M. E., Grierson, D. and Goodenough, P. W. 1985. Plastid changes during the conversion of chloroplasts to chromoplasts in ripening tomatoes. Planta 165: 197 – 204.
- Bianchi, A., Forlani, A. and Manunta, C. 1953. Sugar content in tomatoes. Tomato Genet. Coop. 3:6.
- Bohner, J. and Bangerth, F. 1988. Cell number, cell size and hormone levels in semi-isogenic mutants of *Lycopersicon pimpinellifolium* differing in fruit size. Physiol. Plant 72:316-320.
- Brady, C. J., Meldrum, S. K., McGlasson, W. B. and Ali, Z. M. 1983. Differential accumulation of the molecular forms of polygalacturonase in tonato mutants. J. Food Biochem 7: 7 – 14.
- Buescher, R. W., Sistrunk, W. A., Tigchejaar, E. C. and Ng, T. J. 1976. Softening, pectolytic activity and storage life of *rin* and *nor* tomato hybrids. Hort. Sci. 11:603-305.
- Cheema, D. S., Singh, I., Singh, S. and Dhaliwal, M. S. 1996. Assessment of some genetic stocks as the potential parents for tomato hybrid breeding. Hort. Sci. (Hungary). 28 (1-2): 86-89.
- Cuartero, J. y Báguena, M. 1990. Híbridos de tomate para consumo en fresco. En: III Jornadas de transferencia tecnológica. El cultivo del tomate. Guía de Isora (Tenerife). Ediciones y Promociones LAV, S. L. Valencia: 196-223.

- Davies, J. N. 1965. The effect of variety on the malic and citric acid content of tomato fruit. In: Rept. Glasshouse Crop Res. Inst. 139–141.
- Darlington, C. D. and Mather, K. 1949. The elements of Genetics. Allen and Unwin, London.
- de Vicente, M. C. and Tanksley, S. D. 1993. QTL analysis of transgressive segregation in an interspecific tomato cross. *Genetics* 134 (2): 585-596.
- FAO. 2001. En: <http://www.fao.org/estadísticas>.
- Fernandez, J., González, A., Bañón, S. y Gallego, J. 1992. Cultivo del tomate en la Región de Murcia. *Hortofruticultura* III(6): 29-34.
- Fogle, H. W. and Currence, T. M. 1950. Inheritance of fruit weight and earliness in a tomato cross. *Genetics* 35: 363 - 380.
- Frary, A., Nesbitt, C., Frary, A., Grandillo, S., van der Knaap, E., Cong, B., Liu, J., Meller, J., Elber, R., Alpert, K. and Tanksley, S.D. 2000. *fw22*: A quantitative trait locus key to the evolution of tomato fruit size. *Science* 289: 85 – 88.
- Freund, R. J. and Littell, R. C. 1981. SAS for linear models a guide to the ANOVA and GLM procedures. SAS Institute Inc. U. S. A. pp: 231.
- Frey, K. J., Cox, T. S. Rodgers, D. M. and Bramel-Cox, P. 1981. Increasing cereal yields with from wild and weedy species. *J. Iowa Agr. Econ. Expt. Sta.* 11254: 51 – 68.
- Genta, H. , Bernal, R. y Guarinoni, C. 1992. Poscosecha de tomate. I.N.I.A. Salto Grande. Uruguay. pp: 32.
- Gillapsy, G., Ben-David, H. and Gruissem, W. 1993. Fruits: a developmental perspective. *Plant Cell* 5:1439-1451.

- Goldenberg, J. B. and Von der Pahlen, A. 1966. Genetic and phenotypic correlation between weight and dry matter content of tomato fruits and their heritabilities. *Bol. Genetico, Inst. Fitotécnico de Castelar (Argentina)* 2: 1-15.
- Goodenough, P. W. and Thomas, T. H. 1981. Biochemical changes in tomatoes stored in modified gas atmospheres. I. Sugars and acids. *Ann. Appl. Biol.* 98: 507 – 515.
- Gray, J., Picton, S., Shabbeer, J., Schuch, W. and Grierson, D. 1992. Molecular biology of fruit ripening and its manipulation with antisense genes. *Plant Molecular Biol.* 19: 69–87.
- Gray, J. E., Picton, S., Giovannoni, J. J. and Grierson, D. 1994. The use of transgenic and naturally occurring mutants to understand and manipulate tomato fruit ripening. *Plant, Cell and Environmen.* 17: 557-571.
- Grierson, D., Mauders, M. J., Slater, A., Ray, J., Bird, C. R., Schuch, W., Holdsworth, M. J., Tucker, G. A. and Knapp, J. E. 1986. Gene expression during tomato ripening. *Phil. Transr. Soc. London B.* 314:399-410.
- Grierson, D. and Fray, R. 1994. Control of ripening in transgenic tomatoes. *Euphytica* 79: 251 - 263.
- Harlan, J. R. 1976. Genetics resources in wild relatives of crops. *Crop Sci.* 16: 329-333.
- Harris, W. M. and Spurr, A. R. 1969. Chromoplasts of tomato fruits. II. The red tomato. *Am. J. Bot.* 56: 380 – 389.
- Hermsen, J. G. 1984. Some fundamental considerations on interespecific hybridization. *Iowa State Journal of Research.* 58 (4): 461-474.
- Hiorth, G. E. 1985. *Genética Cuantitativa I: Fundamentos Biológicos. Capítulos 8 - 15.* Universidad Nacional de Córdoba - Facultad de Ciencias Agrarias - Córdoba - Argentina.

- Hobson, G. E. and Grierson, D. 1993. Tomato. In: Biochemistry of Fruit Ripening (Seymour, G. B., Taylor, J. E. and Tucker, G., eds.). Chapman and Hall, London, pp. 405-442.
- Ibarbia, E. A. and Lambeth, V. N. 1969. Inheritance of soluble solids in a large/small-fruited tomato cross. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 94: 496 - 498.
- Jones, R. A. and Scott, S. J. 1983. Improvement of tomato flavor by genetically increasing sugar and acid contents. Euphytica 32: 845.
- Kader, A. A., Chastagner, G. A., Morris, L. L. and Ogawa, J. M. 1978. Effects of carbon monoxide on decay, physiological responses, ripening and composition of tomato fruits. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 103: 665 - 670.
- Kersey, M. J. and Pooni, H. S. 1996. The Genetical Analysis of Quantitative Traits. First edition. Chapman & Hall. London, pp: 381.
- Kramer, M., Sheehy, R. E. and Hiatt, W. R. 1989. Progress towards the genetic engineering of tomato fruit softening. Trends in Biotechnology 7:191-194.
- Kramer, M. G. and Redenbaugh, K. 1994. Commercialization of a tomato with an antisense polygalacturonase gene: The FLAVR SAVR™ tomato story. Euphytica 79: 293-297.
- Lindhout, P., Pet, G., Jansen, R. and Jansen, H. 1991. Genetic differences in growth within and between *Lycopersicon* species. Euphytica 57: 259 - 265.
- Lippman, Z. and Tanksley, S.D. 2001. Dissecting the Genetic Pathway to Extreme Fruit Size in Tomato Using a Cross Between the Small-Fruit Wild Species *Lycopersicon pimpinellifolium* and *L. esculentum* var. Giant Heirloom. Genetics 158: 413 - 422.
- Lewontin, R. and Birch, L. C. 1966. Hybridization as a source of variation for adaptation to new environments. Evolution 20: 315-336.

- Lower, R. L. and Thompson, A. E. 1967. Inheritance of acidity and solids content of small-fruited tomatoes. Proc. Am. Soc. Hort. Sci. 91: 486-494.
- Mac Arthur, J. W. and Butler, L. 1938. Size inheritance and geometric growth processes in the tomato fruit. Genetics 23: 253 - 268.
- Mariotti, J.A. 1986. Fundamentos de genética biométrica - Aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos Washington, D.C. Editora: Chesneau, E. V.
- MacGillivray, J. H. and Clemente, L. J. 1956. Effect of tomato size on solids content. Proc. Am. Soc. Hort. Sci. 68: 466-469.
- Mc Glasson, W.B. and Beattie, B.B. 1989. Temperature to tomatoes. Buying, home storage and ripening. Agfact H 8,4,2. 2a ed. NSW Agriculture and Fisheries, CSIRO Division of Food Research.
- Milkova, L. 1976. Combining ability for soluble solids in a tomato diallel cross. Genet. Agric. 30: 327 - 334.
- Moccia, S, Frezza, D, Chaera, Y. y Mónaco, E. 1998. Tomate "cherry": evaluación de componentes de calidad en tres híbridos durante el almacenamiento. Horticultura Argentina. 17 (42 - 43): 5 - 10.
- Mutschler, M. A., Wolfe, D.W., Cobb, E. D. and Yourstone, K. S. 1992. Tomato Fruit quality and shelf life in hybrids heterozygous for the *alc* ripening mutants. Hort. Sci. 27 (4): 352 - 355.
- Ng, T. and Tigchelaar, E.. 1977. Action of the non-ripening (*nor*) mutant on fruit ripening of tomato. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 102(4): 504 - 509.

- Nuez Viñals, F. 1995. El cultivo del tomate. En: Postcosecha del tomate para consumo en fresco. Ediciones Mundi – Prensa – España.
- Paterson, A. H., Damon, S., Hewitt, J. D., Zamir, D., Rabinowitch, H. D., Lincoln, S. E., Lander, E. S. and Tanksley S. D. 1991. Mendelian Factors Underlying Quantitative Traits in Tomato: Comparison Across Species, Generations, and Environments. *Genetics* 127: 181 - 197.
- Paulson, K. N. and Stevens, M. A. 1974. Relationships among titratable acidity, pH and buffer composition of tomato fruits. *J. Food Sci.* 39: 354 – 357.
- Powers, L. 1941. Inheritance of qualitative characters in crosses involving two species of *Lycopersicon*. *J. Agric. Res.* 63: 149 - 174
- Pratta, G., Zorzoli, R. y Picardi, L.A. 1996. Evaluación de caracteres de interés agronómico en especies del género *Lycopersicon*. *Horticultura Argentina.* 15 (39): 25-32..
- Pratta, G. 1998. La incorporación de germoplasma silvestre en el mejoramiento de *Lycopersicon esculentum* - Parte a) obtención de híbridos interespecíficos y su micropropagación - Parte b) evaluación de las modificaciones en los caracteres productivos por efecto de genes de origen silvestre. Tesis aprobada en la Maestría en Genética Vegetal (UNR).
- Pratta, G., Zorzoli, R y Picardi L. A. 2000. Interacciones genéticas entre germoplasma silvestre y cultivado de *Lycopersicon spp.* Con efectos sobre la calidad del fruto de tomate. *Plant Genet. Resources Nswl.* N° 124: 7 - 12.
- Rego, E. R., Finger, F. L., Casali V. W. D. and Cardoso, A. A. 1999. Inheritance of fruit color and pigment changes in a yellow tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) mutant. *Genet. Mol. Biol.* 22 (1): 101 - 104.

- Reeves, R. G. and Bockholt, A. J. 1964. Modification and improvement of a maize inbred by crossing it with *Tripsacum*. *Crop Sci.* 4: 7-10.
- Rick, C. M. 1950. Pollination relations of *Lycopersicon esculentum* in native and foreign regions. *Evolution* 4: 110 - 122.
- Rick, C. M. and Smith, P. G. 1953. Novel variation in tomato species hybrids. *Am. Nat.* 88: 359 - 373.
- Rick C. M. and Butler L. 1956. Cytogenetics of the tomato. *Adv. Genet VIII*: 267 – 382.
- Rick, C. M. 1973. Potential genetic resources in tomato species: clues from observations in native habitats. In *Genes, enzymes and populations*. Ed. Svoboda, Plenum, New York p. 255 – 269.
- Rick, C. M. 1976. Natural variability in wild species of *Lycopersicon* and its bearing on tomato breeding. *Genet. Agr.* 30: 249 - 259.
- Rick, C. M. 1978. The tomato. *Sci. Am.* 239: 76 - 78.
- Rick, C. M. and Holle, M. 1990. Andean *Lycopersicon esculentum* var. *cerasiforme*: Genetic variation and its evolutionary significance. *Econ. Bot.* 4 (3 supplement):69-78.
- Robinson, R. W. and Tomes, M. L. 1968. Ripening inhibitor: a gene with multiple effects on ripening. *Rep. Tomato Genet. Coop.* 18:36-37.
- Rodríguez Rodríguez, R., Tabares Rodríguez, J. M. y Medina San Juan, J. A. 1997. *Cultivo Moderno del Tomate*. Ediciones Mundi - Prensa - España.
- Sakurai, N. and Nevins, D. 1993. Changes in physical properties and cell wall polysaccharides of tomato (*Lycopersicon esculentum*) pericarp tissues. *Physiologia Plantarum* 89: 681-686.

- Schuch, W., Bird, C. R., Ray, J., Smith, C. J. S., Watson, C. F., Morris, P. C., Gray, J. E., Arnold, C., Seymour, G. B., Tucker, G. A. and Grierson, D. 1990. Control and manipulation of gene expression during tomato fruit ripening. *Plant. Mol. Biol.* 13: 303-311.
- Schuch, W., Hobson, G., Kanczler, J., Tucker, G., Robertson, D., Grierson, D., Bright, S. and Bird, C. R. 1991. Improvement of tomato fruit quality through genetic engineering. *Hort. Sci.* 26: 1517-1520.
- Shapiro, S. S. and Wilk, M. B. 1965. An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52: 591-611.
- Singh, S., Dhaliwal, M. S., Cheena, D. S. and Brar, G. S. 1999. Breeding tomato for high productivity. *Adv. Hort. Sci.* 13 (95 - 98).
- Smith, C. J. S., Watson, C. F., Ray, J., Bird, C. R., Morris, P. C., Schuch, W. and Grierson, D. 1988. Antisense RNA inhibition of polygalacturonase gene expression in transgenic tomatoes. *Nature* 334: 724-726.
- Smith, H. 1944. Recent studies on inheritance of quantitative characters in plants. *Bot. Review* 10: 349 - 382.
- Snedecor, G. 1964. *Métodos Estadísticos - 5^{ta} Edición*. Compañía Editorial - México.
- Stevens, M. A., Kader A. A. and Albright, M. 1979. Potential for increasing tomato flavor via increased sugar and acid content. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* 104: 40-42.
- Stevens, M. A. 1986. Inheritance of tomato fruit quality components. *Plant Breeding Rev.* (4). Ed. por AVI Publishing Co. pp. 273 - 311.
- Stoner, A. K. and Thompson, A. E. 1966. A diallel analysis of solids in tomatoes. *Euphytica* 15: 377-382.

- Taylor, I. B. 1986. Biosystematics of the tomato. In: Atherton, J. G.; Rudich, J. (Eds.). The tomato crop. A scientific basis for improvement. Chapman and Hall, London & New York pp. 1-34.
- Tigchelaar, E. C., Mc Glason W. B. and Buescher R. W. 1978. Genetic regulation of tomato fruit ripening. Hort. Sci. 13 (5): 508-513.
- Tigchelaar, E. C. 1986. Tomato Breeding. En M.J. Basset (ed.). Breeding Veg. Crops. Westport, CT, USA. AVI Publishing Company, Inc. p. 135-170.
- Vallejo Cabrera, F. A., Pava, J. H., Vargas, J. A. y Arango Á. P. A. 1994. Caracterización morfo-agronómica de especies y variedades botánicas del género *Lycopersicon*. Acta Agronómica. 44(1/4): 37-50.
- Vega, U. and Frey, K. J. 1980. Transgressive segregation in inter and intraespecific crosses of barley. Euphytica 29: 585 – 594.
- Walkof, C. and Hyde, R. B. 1963. Inheritance of acidity in tomatoes. Can. J. Plant Sci. 48: 528-533.
- Warnock, S. J. 1991. Natural habitats of *Lycopersicon* species. Hort. Sci. 26 (5): 466-471.
- Weller, J. I., Soller, M. and Brody, T. 1988. Linkage analysis of quantitative traits in an interspecific cross of tomato (*Lycopersicon esculentum* x *Lycopersicon pimpinellifolium*) by means of genetic markers. Genetics 118: 329 -339.
- Young, T. E., Juvik, J. A. and Sullivan, J. G. 1993. Accumulation of the components of total solids in ripening fruits of tomato. J. Amer. Hort. Sci. 118(2): 286-292.
- Zorzoli, R., Pratta, G. y Picardi, L. A. 1998. Efecto de los mutantes *nor* y *rin* y de genes de origen silvestres sobre la calidad postcosecha de los frutos de tomate. Mendeliana 13 (1): 12 - 19.

ANEXO I

Tabla N° 1: Valor medio (**X**), desvío estándar (**DS**) y número de repeticiones (**n**) para los caracteres estudiados en planta en los progenitores *L. esculentum* var. *cerasiforme* LA 1385 (**Ce**), *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Caimanta (**Cai**), *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Nor (**N**) e híbridos (**F₁ Cai x Ce** y **F₁ Cai x N**).

	Ce		F₁ Cai x Ce		Cai		F₁ Cai x N		N	
	X ± DS	n	X ± DS	n	X ± DS	n	X ± DS	n	X ± DS	n
LE	2.59 ± 0.58 a	10	2.50 ± 0.47 a	10	2.43 ± 0.28 a	16	2.47 ± 0.43 a	10	2.64 ± 0.47 a	10
PB	3.50 ± 0.24 b	10	4.13 ± 0.39 a	10	4.35 ± 0.26 a	16	4.03 ± 0.29 b	10	3.81 ± 0.38 b	10
PM	3.40 ± 0.45 b	10	4.87 ± 0.51 a	10	4.62 ± 0.34 a	16	4.90 ± 0.29 b	10	5.05 ± 0.43 b	10
PA	0.78 ± 0.08 b	10	1.15 ± 0.11 c	10	1.41 ± 0.17 a	16	1.09 ± 0.15 c	10	1.23 ± 0.14 b	10
FR	12.90 ± 3.45 a	10	10.52 ± 1.74 a	10	4.90 ± 0.57 b	16	8.86 ± 1.36 c	10	6.63 ± 1.16 a	10
R	9.10 ± 0.99 a	10	8.80 ± 0.42 a	10	4.44 ± 0.51 b	16	8.00 ± 0.00 c	10	6.00 ± 0.00 a	10
DF	35.30 ± 2.00 a	10	38.40 ± 3.31 c	10	42.56 ± 1.37 b	16	39.00 ± 2.36 c	10	48.10 ± 1.66 a	10

LE: longitud de los entrenudos (cm); **PB**: perímetro del tallo en la parte basal (cm); **PM**: perímetro del tallo en la parte media (cm); **PA**: perímetro del tallo en la parte apical (cm); **FR**: número de flores por racimo; **R**: número de racimos por planta; **DF**: días a floración; **n**: número de plantas. Letras distintas indican diferencias significativas entre genotipos dentro de cada cruzamiento.

Tabla N° 2: Valor medio (**X**), desvío estándar (**DS**) y número de repeticiones (**n**) para los caracteres estudiados en fruto en los progenitores *L. esculentum* var. *cerasiforme* LA 1385 (**Ce**), *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Caimanta (**Cai**), *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Nor (**N**), híbridos (**F₁ Cai x Ce** y **F₁ Cai x N**) y testigo (**Test**).

	Ce		F ₁ Cai x Ce		Cai		F ₁ Cai x N		N		Test	
	X ± DS	n	X ± DS	n	X ± DS	n	X ± DS	n	X ± DS	n	X ± DS	n
P	4.61 ± 2.45 b	212	9.95 ± 2.52 c	249	82.35 ± 13.03 a	90	15.33 ± 2.47 c	207	37.38 ± 13.06 b	63	81.14 ± 15.26	210
D	2.00 ± 0.39 b	212	2.80 ± 0.24 c	249	5.99 ± 0.32 a	90	3.33 ± 0.16 c	207	4.58 ± 0.49 b	63	5.57 ± 0.37	210
A	1.72 ± 0.37 b	212	2.22 ± 0.22 c	249	4.30 ± 0.36 a	90	2.46 ± 0.22 c	207	3.28 ± 0.47 b	63	4.28 ± 0.29	210
F	0.86 ± 0.05 a	212	0.79 ± 0.04 c	249	0.72 ± 0.05 b	90	0.74 ± 0.04 b	207	0.71 ± 0.03 b	63	0.77 ± 0.01	210
VP	31.94 ± 0.72 a	212	29.71 ± 0.67 c	249	13.95 ± 1.12 b	90	21.73 ± 1.14 c	207	80.72 ± 3.47 a	63	29.75 ± 0.98	210
L	39.79 ± 1.42 a	34	39.56 ± 1.96 a	22	38.89 ± 0.83 a	30	38.36 ± 1.38 a	28	46.24 ± 2.02 b	20	41.08 ± 1.12	47
C	1.33 ± 0.07 a	34	1.24 ± 0.15 ab	22	1.21 ± 0.09 b	30	1.33 ± 0.10 c	28	0.93 ± 0.19 a	20	1.14 ± 0.05	47
SS	7.96 ± 1.01 a	20	5.76 ± 0.54 c	37	4.95 ± 0.22 b	15	5.76 ± 0.35 a	24	4.97 ± 0.22 b	11	4.78 ± 0.55	20
pH	5.01 ± 0.09 a	20	5.06 ± 0.28 a	32	4.99 ± 0.14 a	15	5.08 ± 0.27 a	18	4.66 ± 0.07 b	11	5.51 ± 0.24	20
AT	5.61 ± 0.41 a	20	3.36 ± 0.31 c	34	4.92 ± 0.18 b	15	3.91 ± 0.36 a	24	3.93 ± 0.41 a	11	2.50 ± 0.32	20

P: peso de los frutos (gr); **D**: diámetro de los frutos (cm); **A**: altura de los frutos (cm); **F**: forma de los frutos; **VP**: vida poscosecha de los frutos (días); **L**: porcentaje de reflectancia; **C**: cociente **a/b** (**a** se relaciona a las longitudes de onda de 540 nm y **b** relacionado con longitudes de onda de 675 nm); **SS**: contenido de sólidos solubles (°Brix); **pH**: potencial hidrógeno del jugo homogeneizado; **AT**: acidez titulable. Letras distintas indican diferencias significativas entre genotipos dentro de cada cruzamiento.

Tabla N° 3: Correlaciones fenotípicas para los caracteres estudiados en la generación F₂ del cruzamiento de *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Caimanta con *L. esculentum* var. *cerasiforme* LA 1385.

	PB	PM	PA	FR	R	DF	P	D	A	F	L	C	SS	pH	AT	VP
LE	-0.33 **	-0.01 ns	0.06 ns	-0.03 ns	0.03 ns	-0.06 ns	-0.08 ns	-0.12 ns	-0.09 ns	0.12 ns	0.06 ns	-0.11 ns	-0.14 ns	0.02 ns	0.08 ns	0.22 **
PB		0.53 **	-0.09 ns	-0.08 ns	0.05 ns	0.04 ns	0.28 **	0.26 **	0.22 **	-0.21 **	0.06 ns	-0.06 ns	-0.13 ns	-0.00 ns	-0.06 ns	-0.08 ns
PM			-0.03 ns	-0.04 ns	0.06 ns	0.05 ns	0.23 **	0.25 **	0.19 *	-0.23 **	0.05 ns	-0.05 ns	-0.14 ns	0.02 ns	0.02 ns	0.06 ns
PA				-0.06 ns	-0.43 **	0.08 ns	0.12 ns	0.15 *	0.14 ns	-0.10 ns	-0.02 ns	0.01 ns	-0.14 ns	-0.06 ns	-0.07 ns	0.01 ns
FR					0.12 ns	-0.21 **	-0.29 **	-0.31 **	-0.22 **	0.29 ns	-0.02 ns	-0.11 ns	-0.04 ns	0.25 **	0.09 ns	0.12 ns
R						-0.14 ns	-0.09 ns	-0.07 ns	-0.11 ns	-0.04 ns	-0.21 **	0.16 *	0.15 ns	-0.03 ns	0.07 ns	-0.03 ns
DF							0.17 *	0.13 ns	0.14 ns	-0.07 ns	0.05 ns	-0.05 ns	-0.08 ns	-0.14 ns	-0.07 ns	-0.02 ns
P								0.95 **	0.91 **	-0.45 **	0.06 ns	-0.03 ns	-0.33 **	-0.05 ns	-0.18 ns	0.14 ns
D									0.90 **	-0.61 **	0.02 ns	0.02 ns	-0.27 **	-0.04 ns	-0.13 ns	0.09 ns

Continúa en la página siguiente

Viene de la página anterior tabla N° 3

	PB	PM	PA	FR	R	DF	P	D	A	F	L	C	SS	pH	AT	VP
A										-0.21 **	0.08 ns	-0.08 ns	-0.27 **	0.02 ns	-0.16 ns	0.22 **
F											0.09 ns	-0.16 *	0.13 ns	0.13 ns	-0.02 ns	0.18 *
L												-0.28 **	-0.24 *	0.12 ns	-0.03 ns	0.21 **
C													0.07 ns	-0.05 ns	-0.14 ns	-0.16 *
SS														-0.26 **	0.49 **	-0.25 *
pH															-0.32 **	-0.03 ns
AT																-0.05 ns

LE: longitud de los entrenudos (cm); **PB**: perímetro del tallo en la parte basal (cm); **PM**: perímetro del tallo en la parte media (cm); **PA**: perímetro del tallo en la parte apical (cm); **FR**: número de flores por racimo; **R**: número de racimos por planta; **DF**: días a floración; **P**: peso de los frutos (gr); **D**: diámetro de los frutos (cm); **A**: altura de los frutos (cm); **F**: forma de los frutos; **L**: porcentaje de reflectancia; **C**: cociente **a/b**; **SS**: contenido de sólidos solubles (°Brix); **pH**: potencial hidrógeno del jugo homogeneizado; **AT**: acidez titulable; **VP**: vida poscosecha de los frutos (días).

** p< 0,01; * p< 0,05 y ns: no significativo

Tabla N° 4: Correlaciones fenotípicas para los caracteres eestudiados en la generación F₂ del cruzamiento de *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Caimanta con *L. esculentum* var. *esculentum* cv. Nor.

	PB	PM	PA	FR	R	DF	P	D	A	F	L	C	SS	pH	AT	VP
LE	-0.12 ns	0.11 ns	0.16 *	-0.15 ns	0.06 ns	-0.25 **	0.02 ns	0.03 ns	0.02 ns	-0.02 ns	0.01 ns	-0.06 ns	0.06 ns	-0.10 ns	0.03 ns	0.10 ns
PB		0.48 **	0.25 **	0.10 ns	0.04 ns	-0.16 *	0.17 *	0.19 **	0.05 ns	-0.27 **	0.12 ns	-0.14 ns	-0.22 *	0.05 ns	-0.26 **	-0.19 *
PM			0.41 **	0.08 ns	-0.02 ns	0.03 ns	0.17 *	0.24 **	0.04 ns	-0.38 **	0.08 ns	0.05 ns	-0.21 *	-0.07 ns	-0.18 ns	-0.25 **
PA				-0.05 ns	-0.19 *	-0.26 **	0.15 *	0.19 *	0.01 ns	-0.34 **	0.06 ns	-0.02 ns	-0.17 ns	0.02 ns	-0.21 *	-0.17 *
FR					0.08 ns	-0.08 ns	-0.17 *	-0.19 *	-0.16 *	0.06 ns	0.10 ns	-0.17 *	-0.09 ns	0.02 ns	0.00 ns	0.07 ns
R						-0.04 ns	-0.01 ns	-0.04 ns	0.04 ns	0.15 *	0.09 ns	-0.12 ns	0.07 ns	-0.20 *	-0.07 ns	0.14 ns
DF							0.07 ns	0.06 ns	0.10 ns	0.05 ns	-0.04 ns	0.27 **	-0.02 ns	0.04 ns	0.19 ns	-0.07 ns
P								0.93 **	0.92 **	-0.09 ns	0.18 *	-0.01 ns	-0.29 **	0.20 *	-0.29 **	0.07 ns
D									0.85 **	-0.35 **	0.17 *	0.04 ns	-0.29 **	0.18 ns	-0.29 **	-0.08 ns

Continúa en la página siguiente

Viene de la página anterior tabla N° 4

	PB	PM	PA	FR	R	DF	P	D	A	F	L	C	SS	pH	AT	VP
A										0.19 *	0.07 ns	0.06 ns	-0.28 **	0.23 *	-0.24 *	0.10 ns
F											-0.17 *	0.03 ns	0.06 ns	0.05 ns	0.10 ns	0.36 **
L												-0.41 **	-0.24 *	-0.16 ns	-0.18 ns	0.32 **
C													0.09 ns	0.18 ns	0.18 ns	-0.19 *
SS														-0.13 ns	0.23 *	0.02 ns
pH															-0.36 **	0.02 ns
AT																-0.03 ns

LE: longitud de los entrenudos (cm); **PB**: perímetro del tallo en la parte basal (cm); **PM**: perímetro del tallo en la parte media (cm); **PA**: perímetro del tallo en la parte apical (cm); **FR**: número de flores por racimo; **R**: número de racimos por planta; **DF**: días a floración; **P**: peso de los frutos (gr); **D**: diámetro de los frutos (cm); **A**: altura de los frutos (cm); **F**: forma de los frutos; **L**: porcentaje de reflectancia; **C**: cociente **a/b**; **SS**: contenido de sólidos solubles (°Brix); **pH**: potencial hidrógeno del jugo homogeneizado; **AT**: acidez titulable; **VP**: vida poscosecha de los frutos (días).

** p< 0,01; * p< 0,05 y ns: no significativo

ANEXO II

Gráfico 1: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter longitud de entrenudos (LE) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

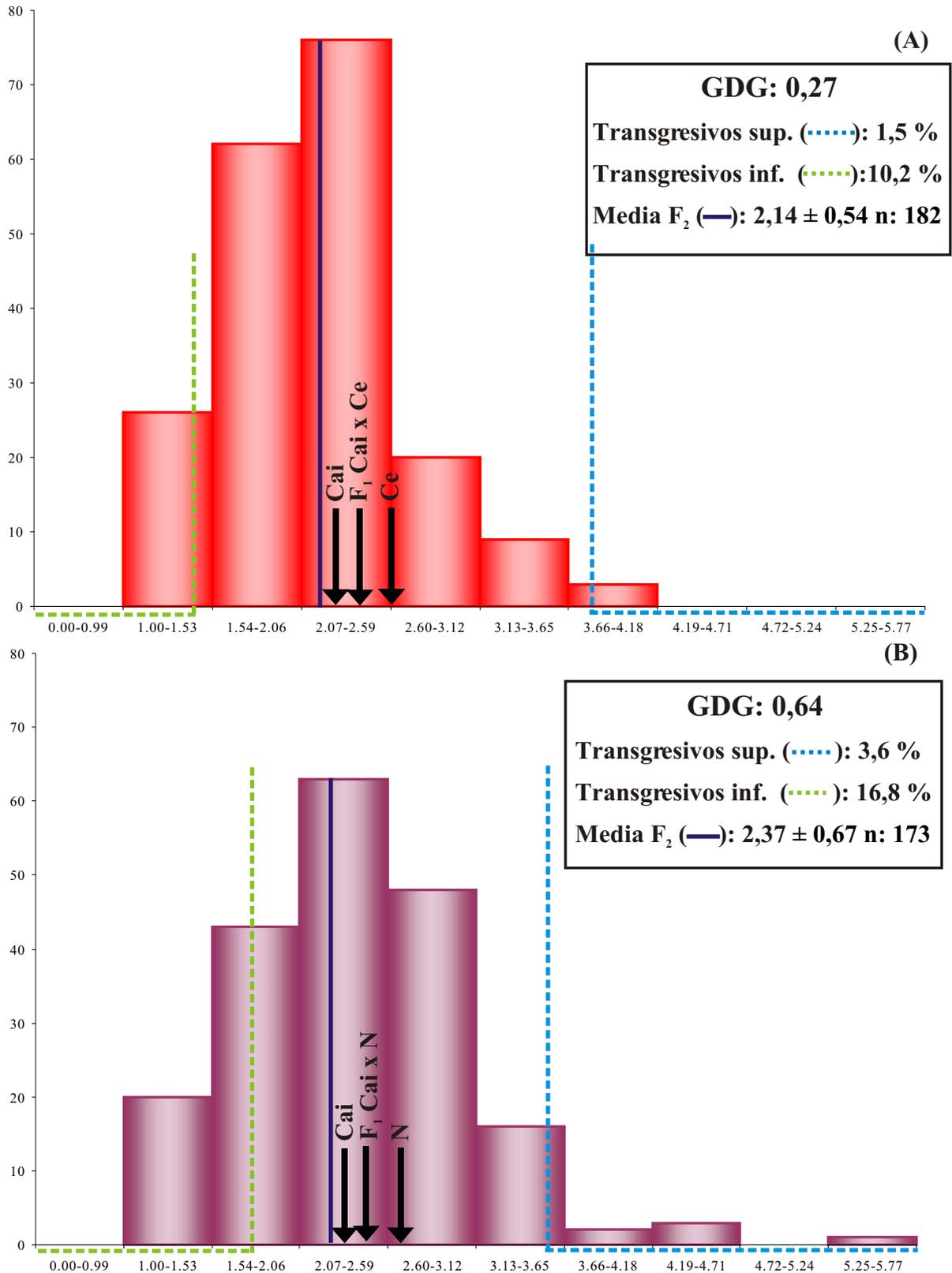


Gráfico 2: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter perímetro del tallo en la parte basal (PB) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

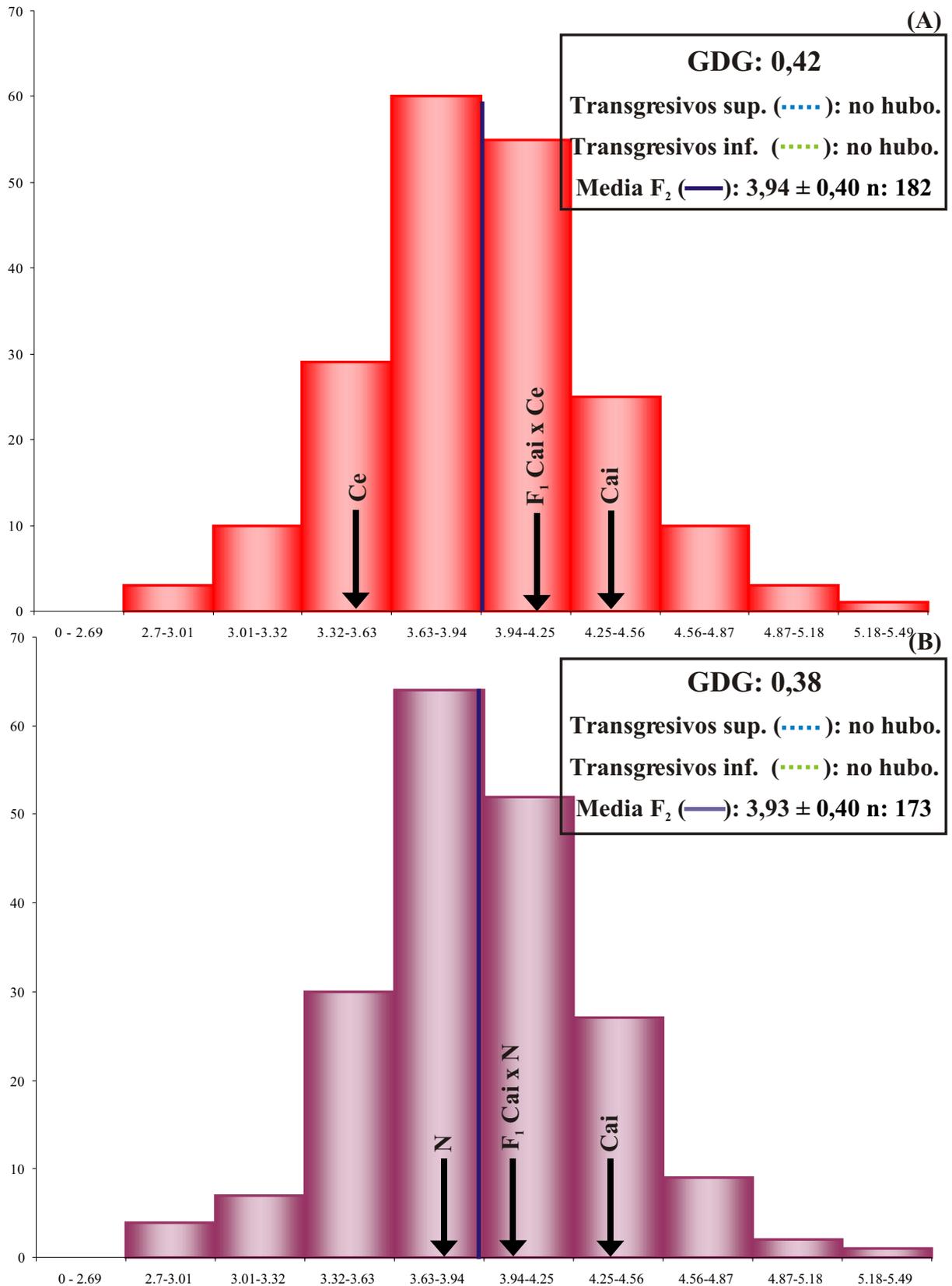


Gráfico 3: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter perímetro del tallo en la parte media (PM) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

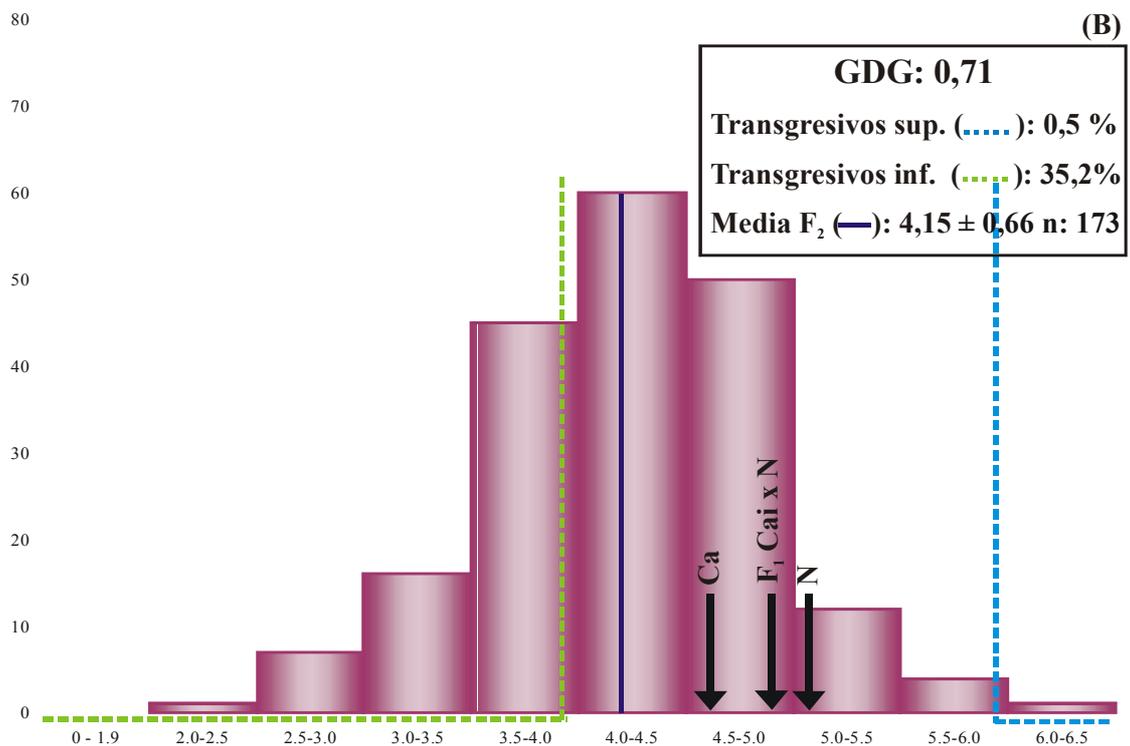
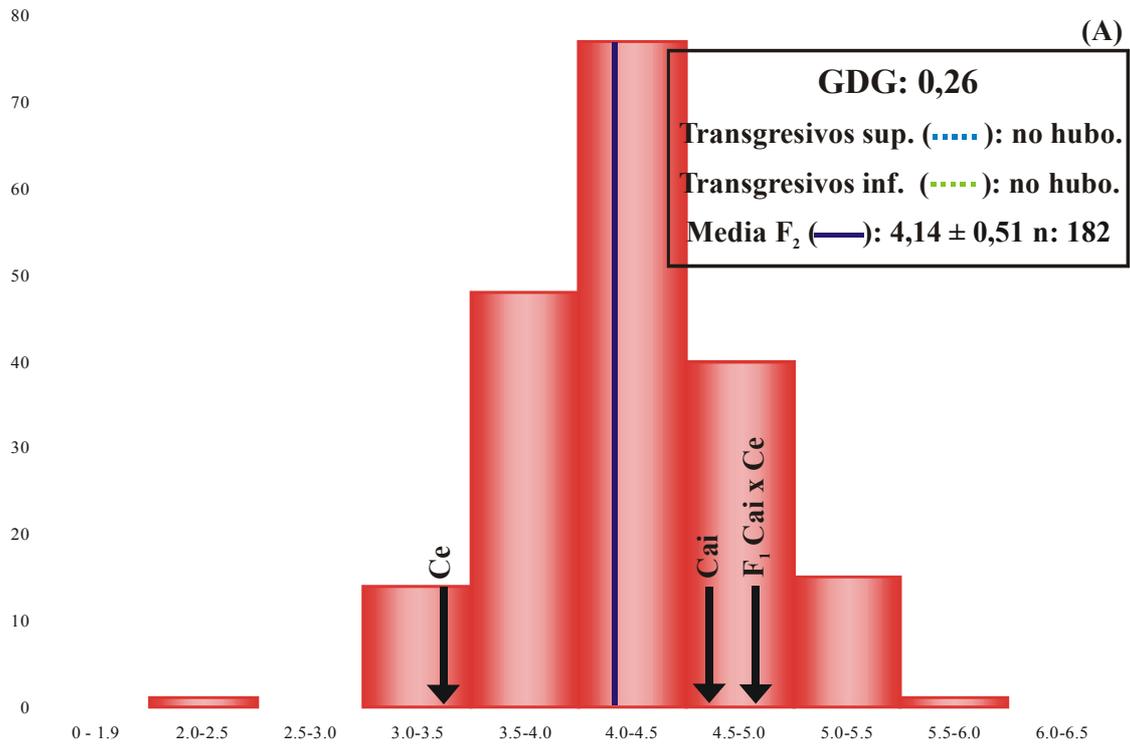


Gráfico 4: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter perímetro del tallo en la parte apical (PA) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

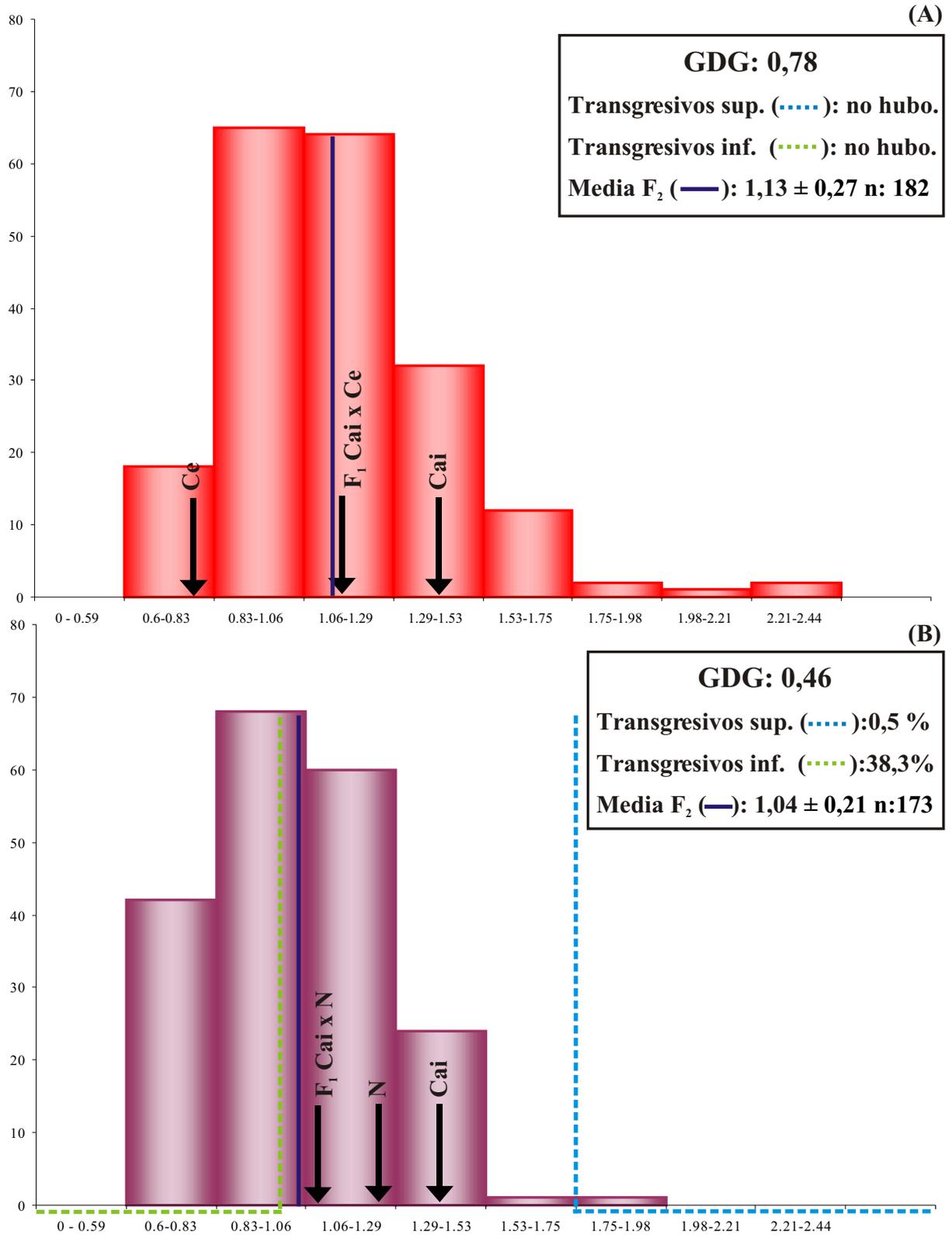


Gráfico 5: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter flores por racimo (**FR**) en el cruzamiento intervarietal (**A**) e intravarietal (**B**).

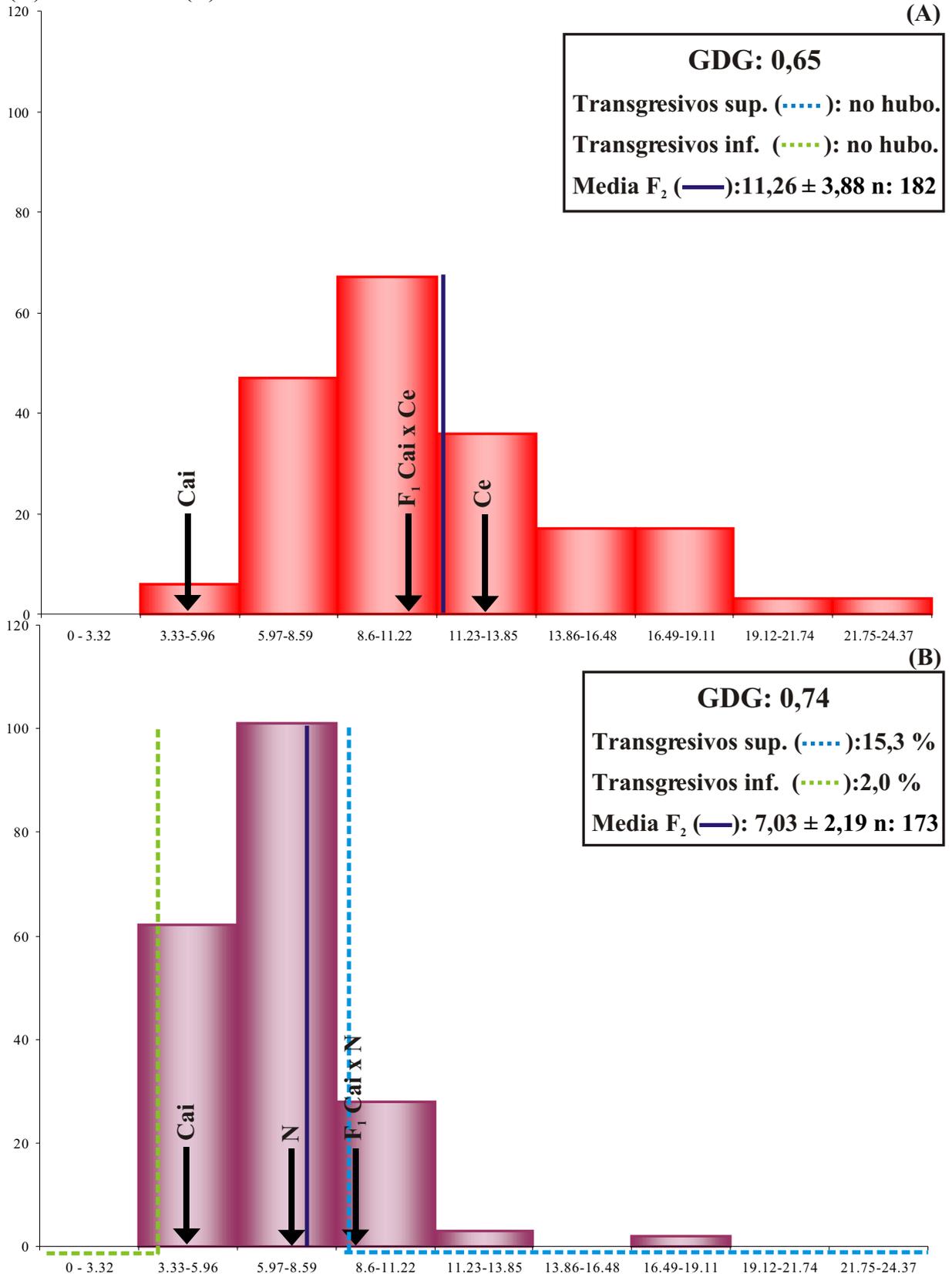


Gráfico 6: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter racimos por planta (**R**) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

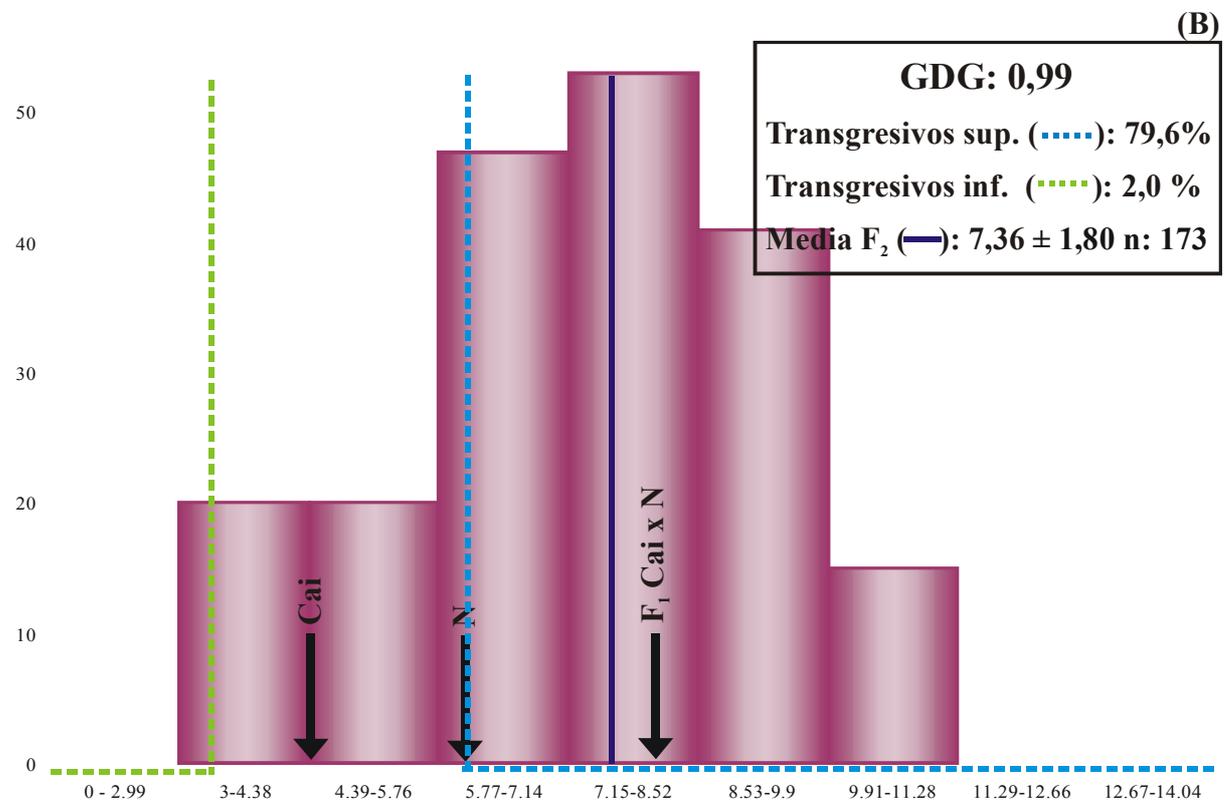
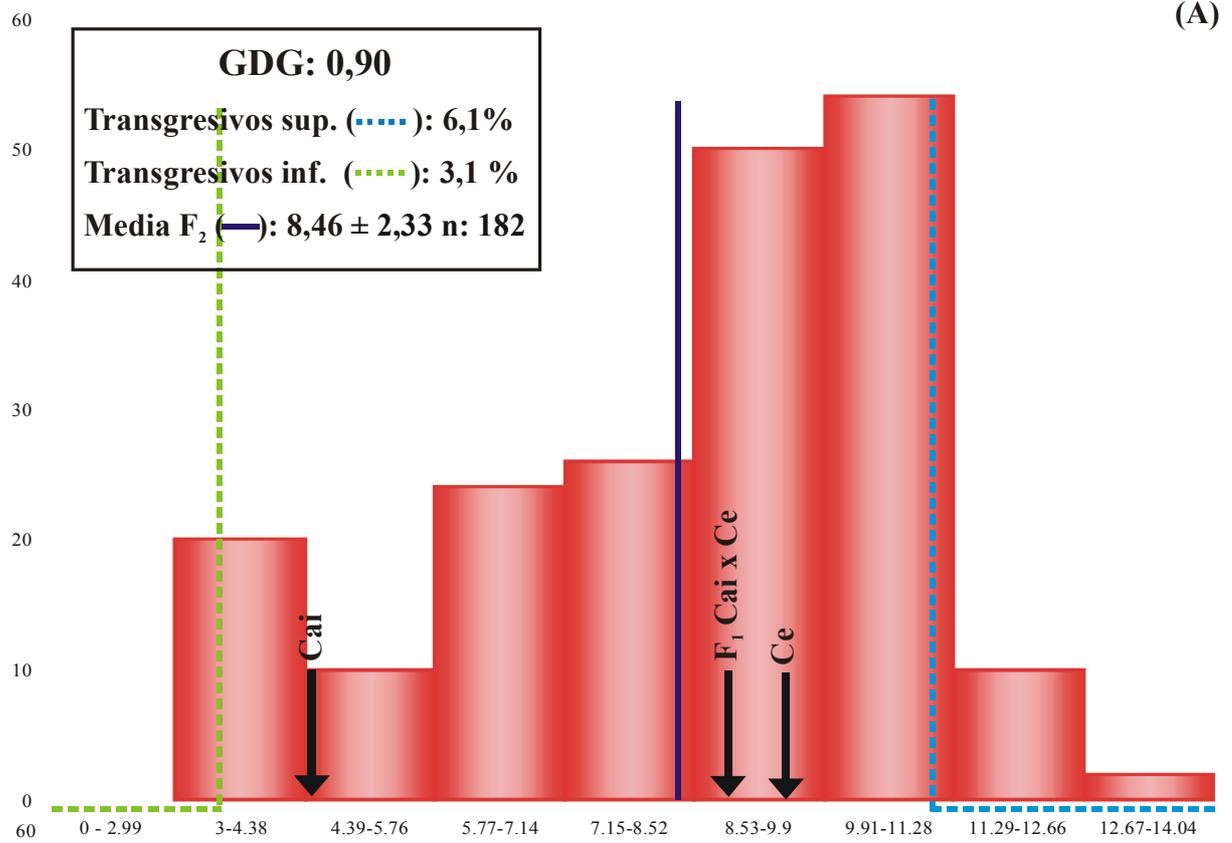


Gráfico 7: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter días a floración (**DF**) en el cruzamiento intervarietal (**A**) e intravarietal (**B**).

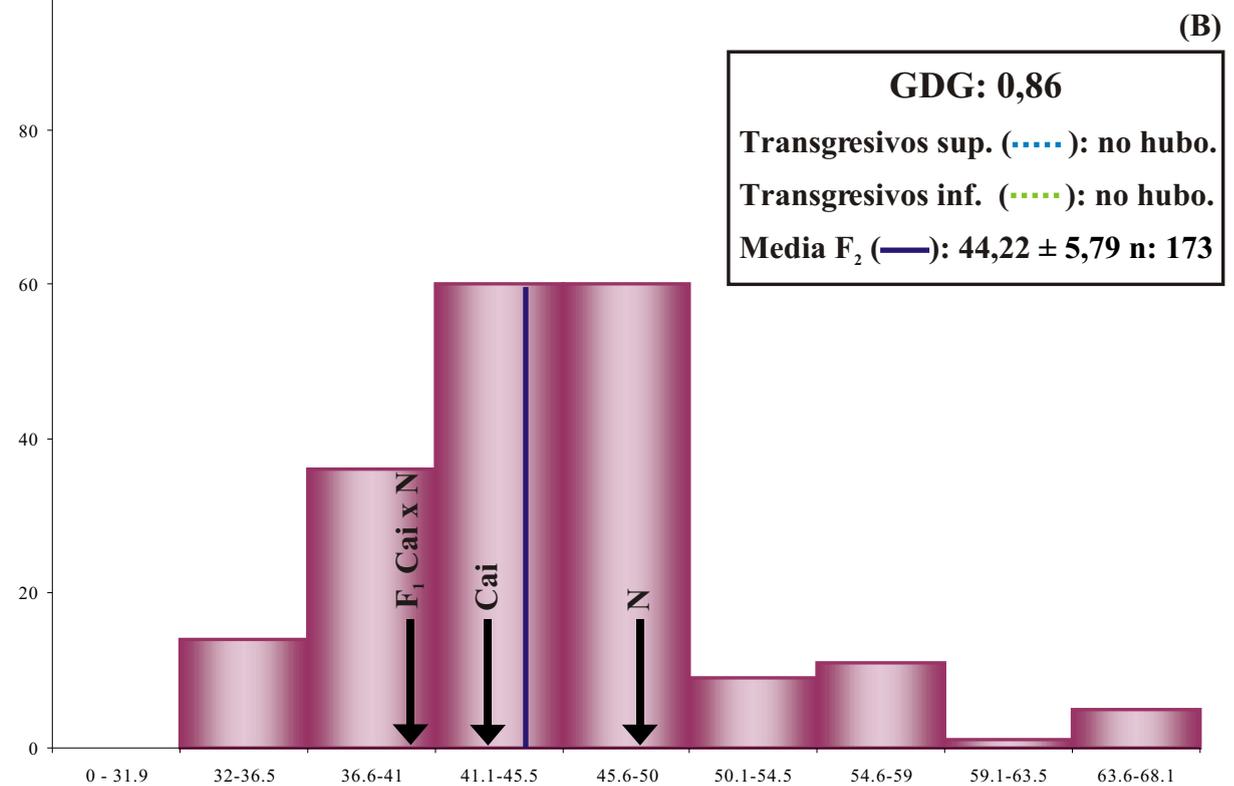
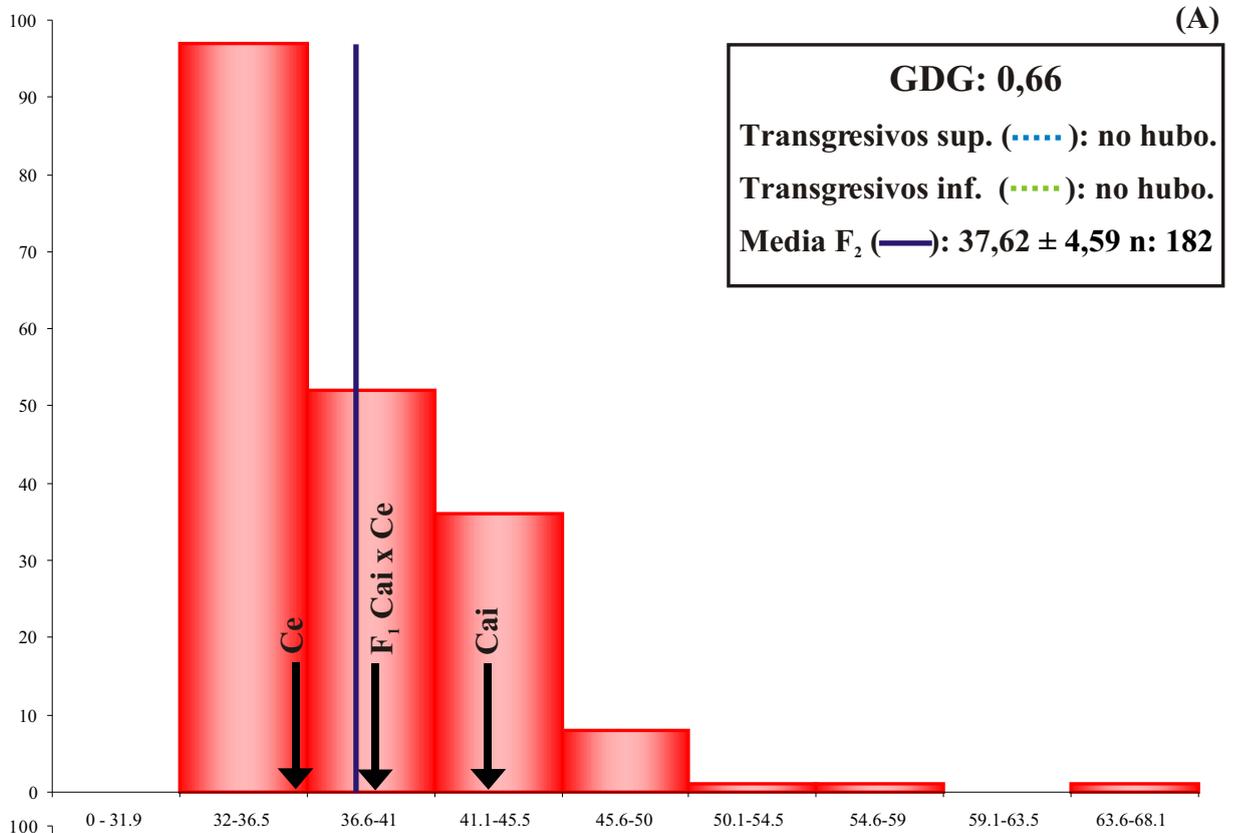


Gráfico 8: Distribución de frecuencias de los individuos F₂, valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter peso de los frutos (P) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

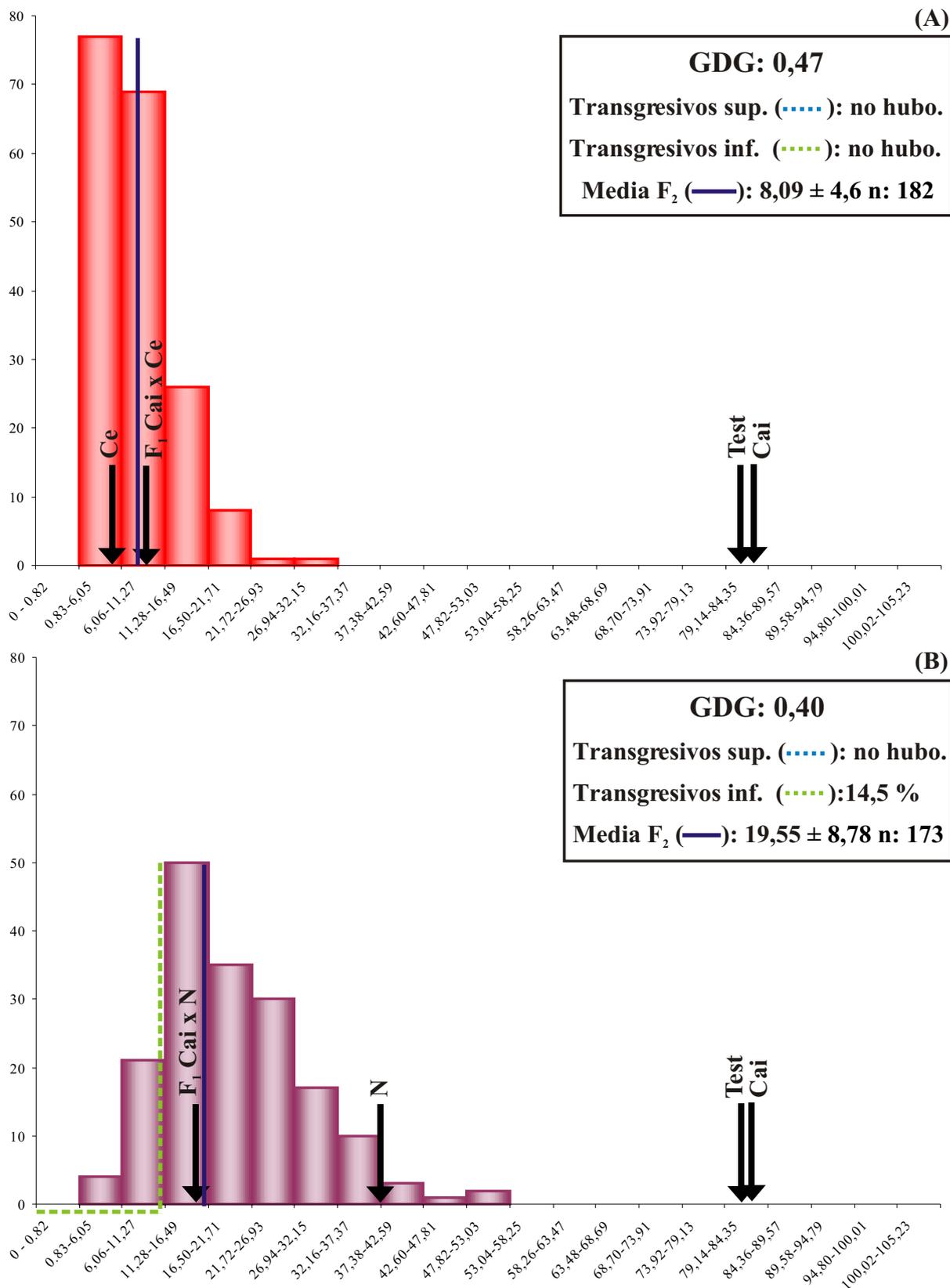


Gráfico 9: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter diámetro de los frutos (**D**) en el cruzamiento intervarietal (**A**) e intravarietal (**B**).

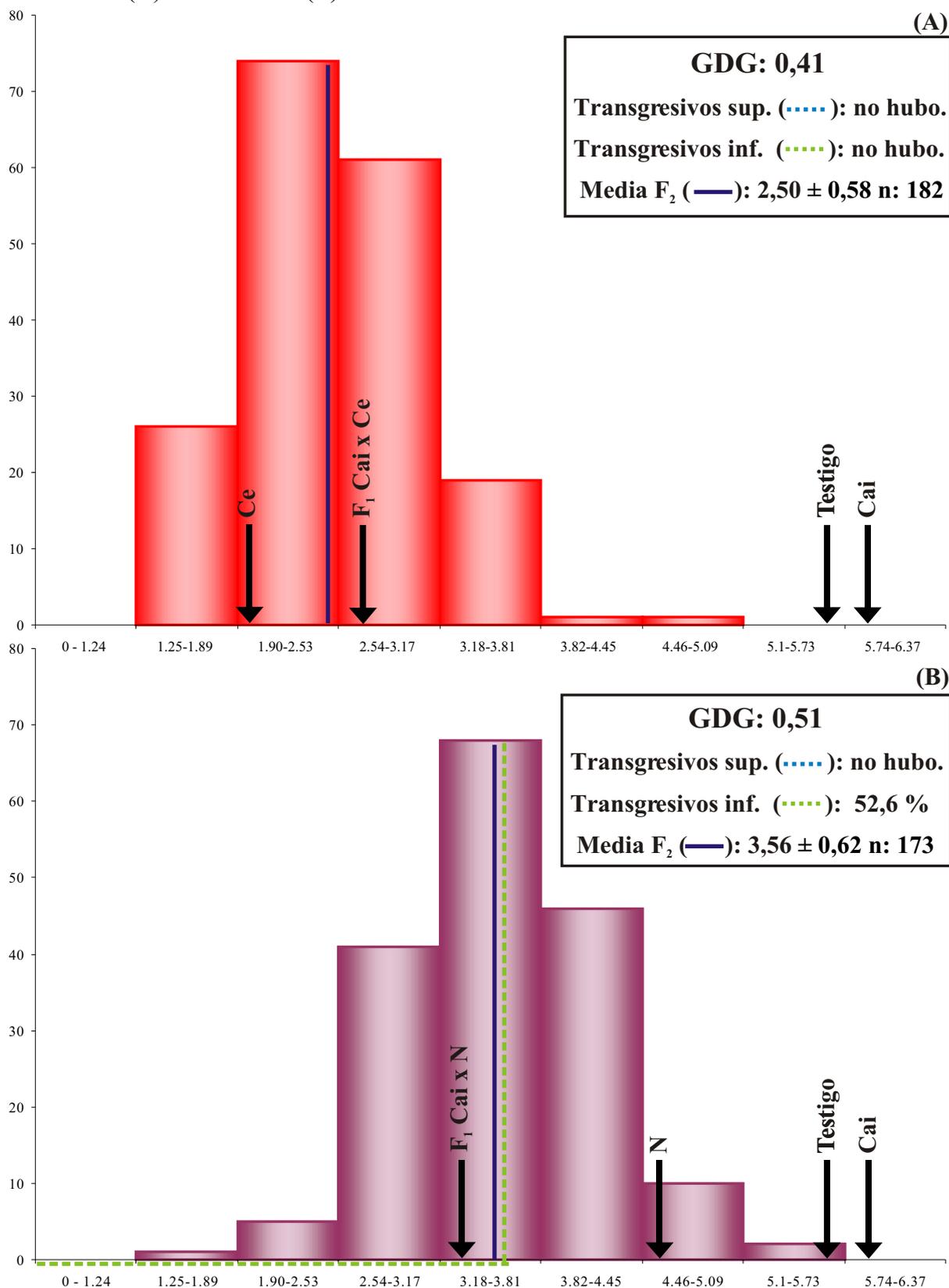


Gráfico 10: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter altura de los frutos (A) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

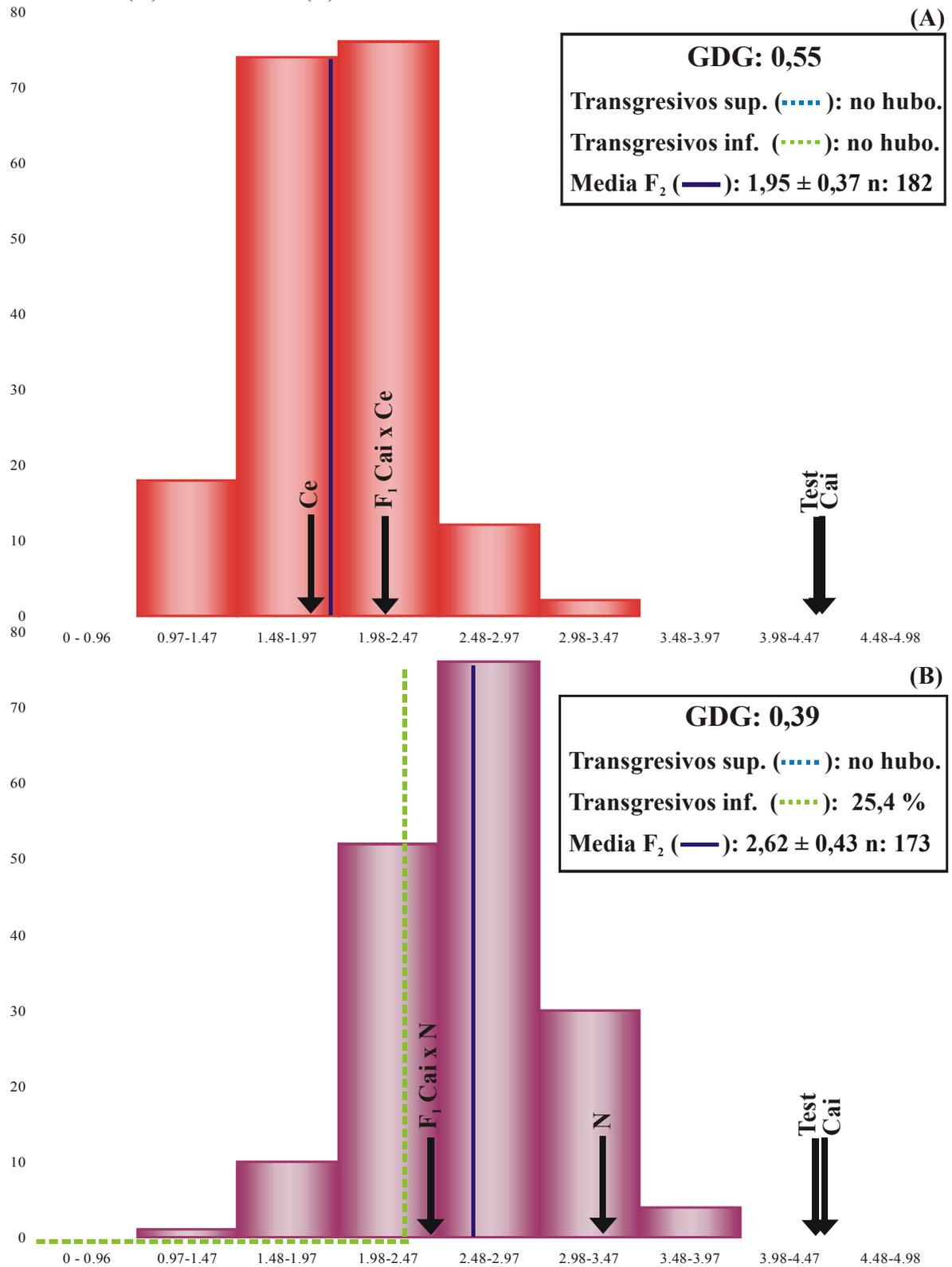


Gráfico 11: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter forma de los frutos (F) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

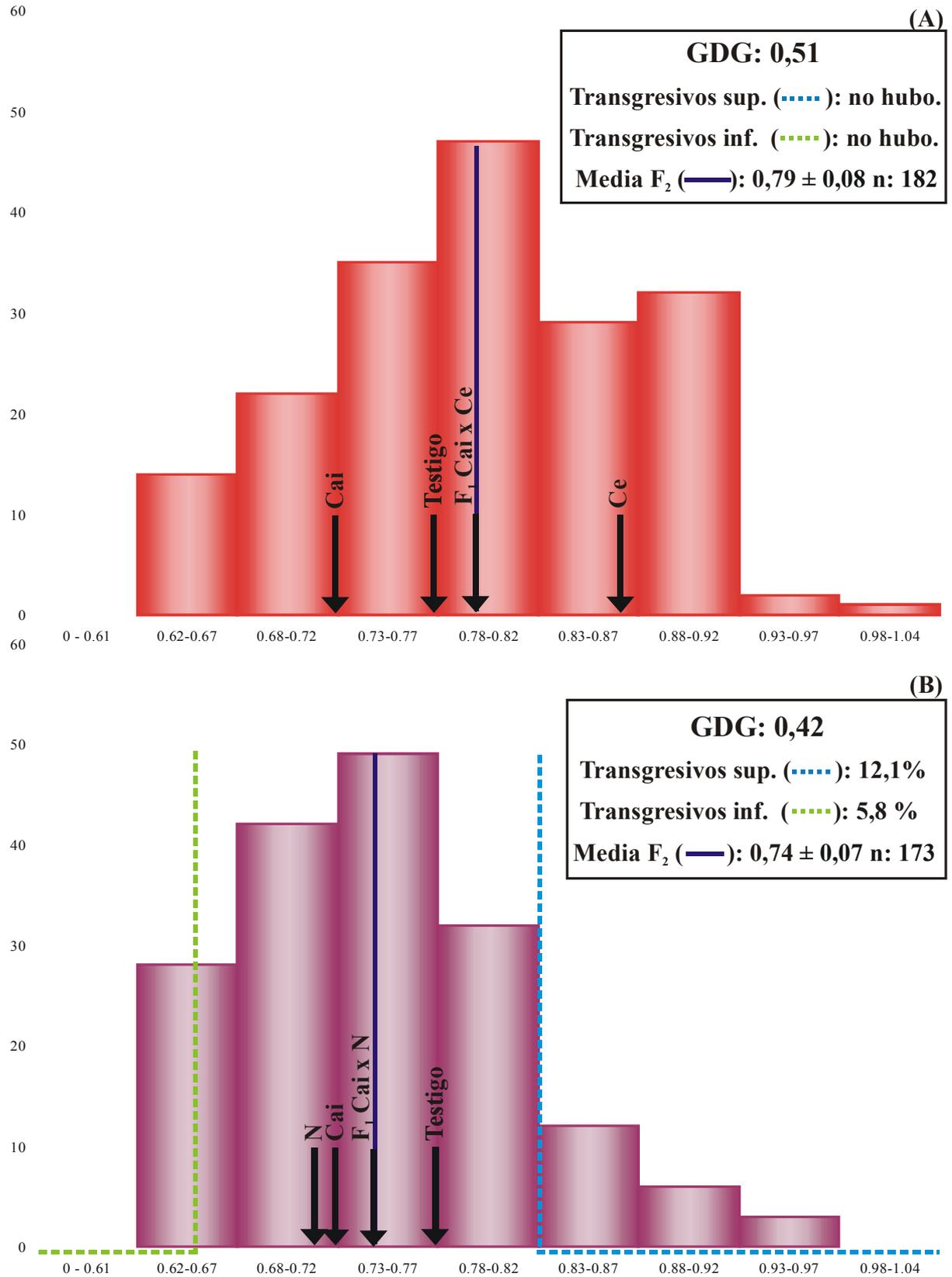


Gráfico 12: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter vida poscosecha de los frutos (VP) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

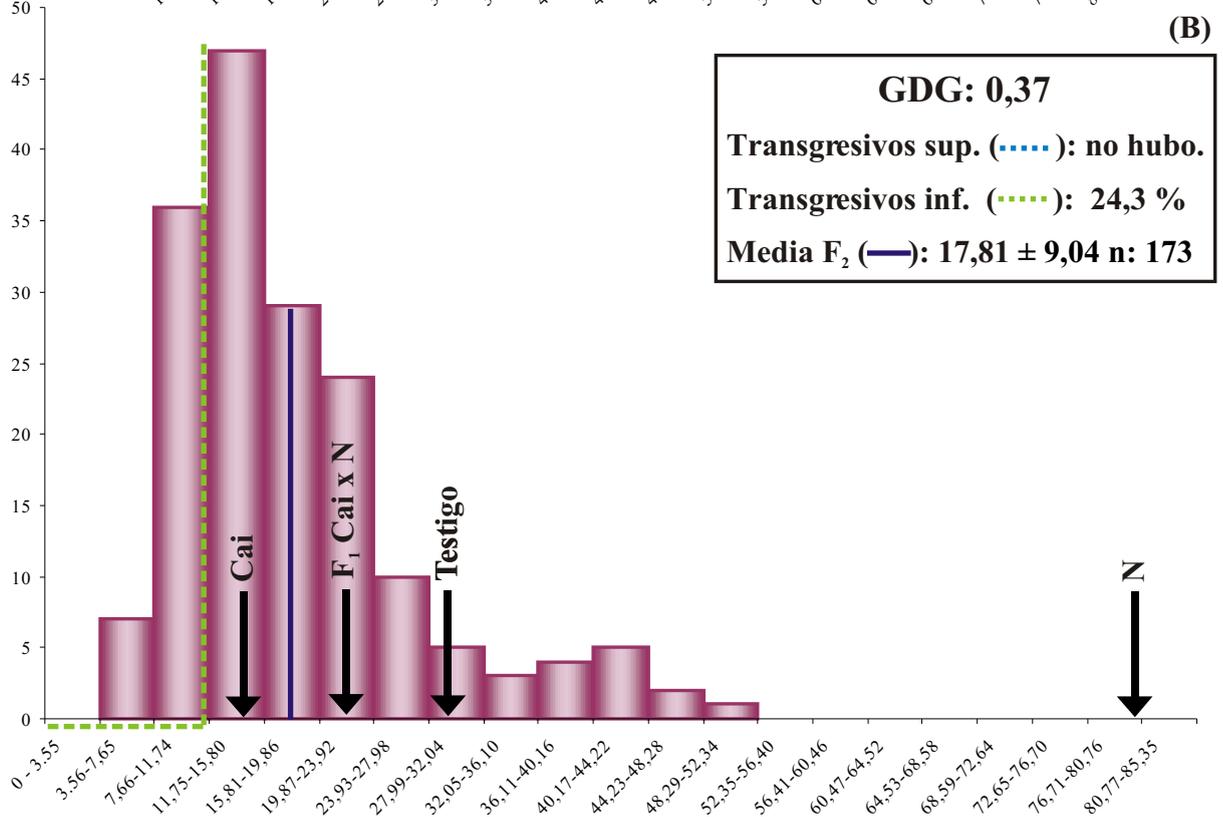
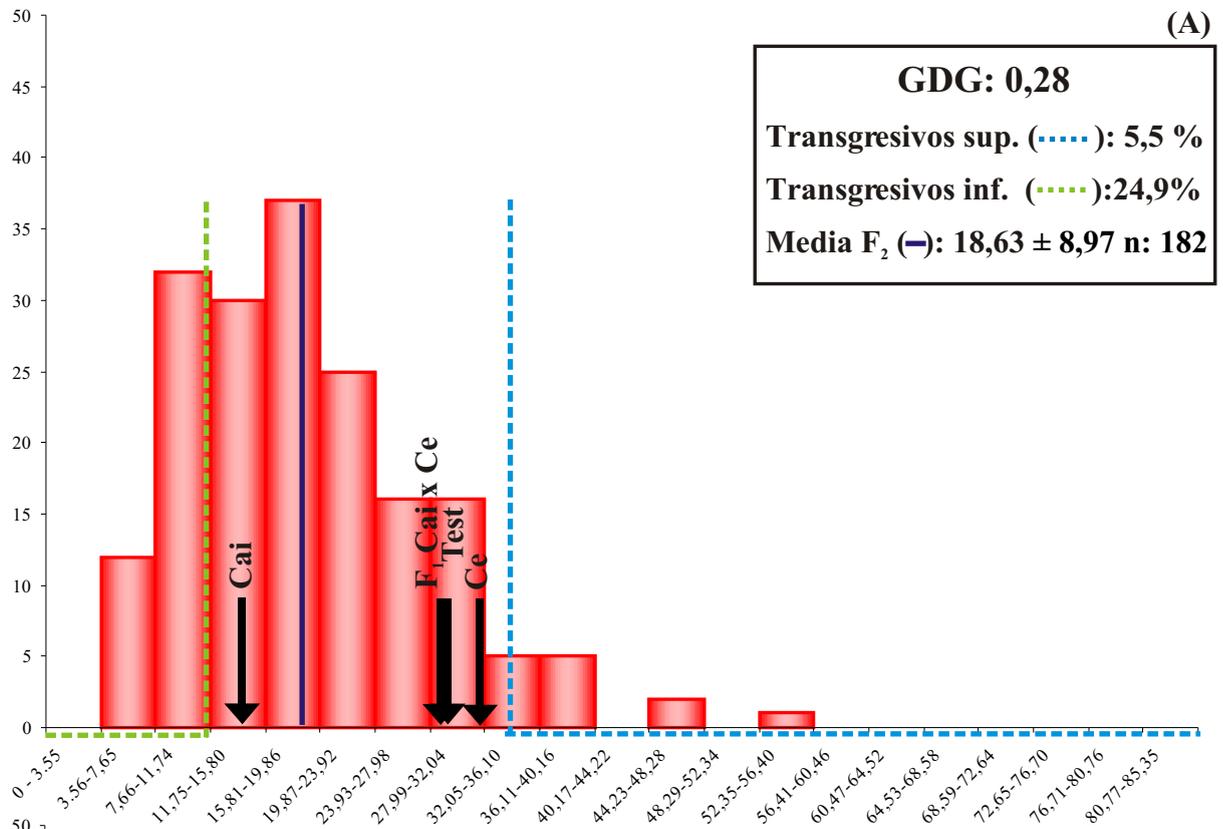


Gráfico 13: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter porcentaje de reflectancia (L) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

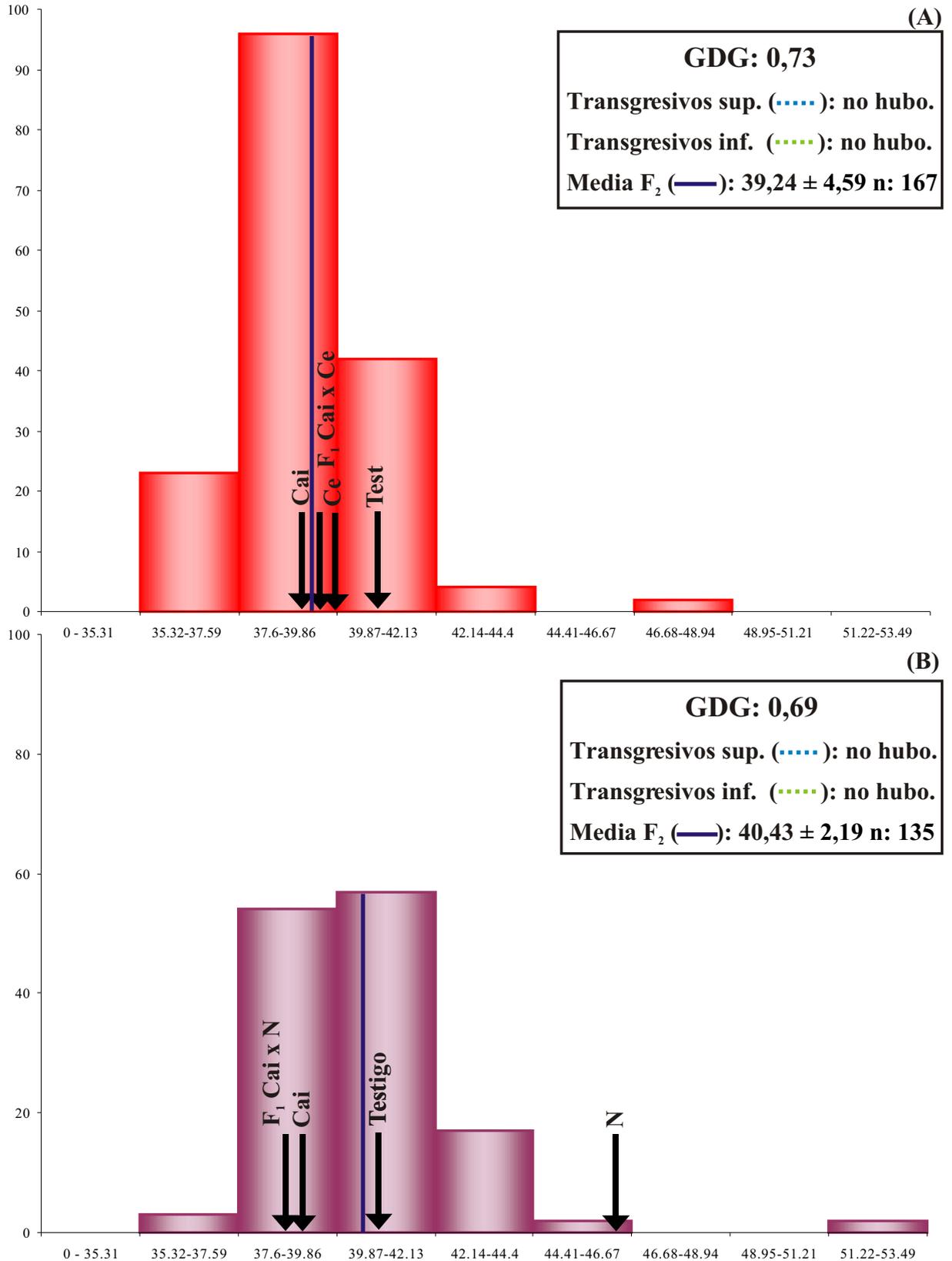


Gráfico 14: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter coeficiente a/b (C) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

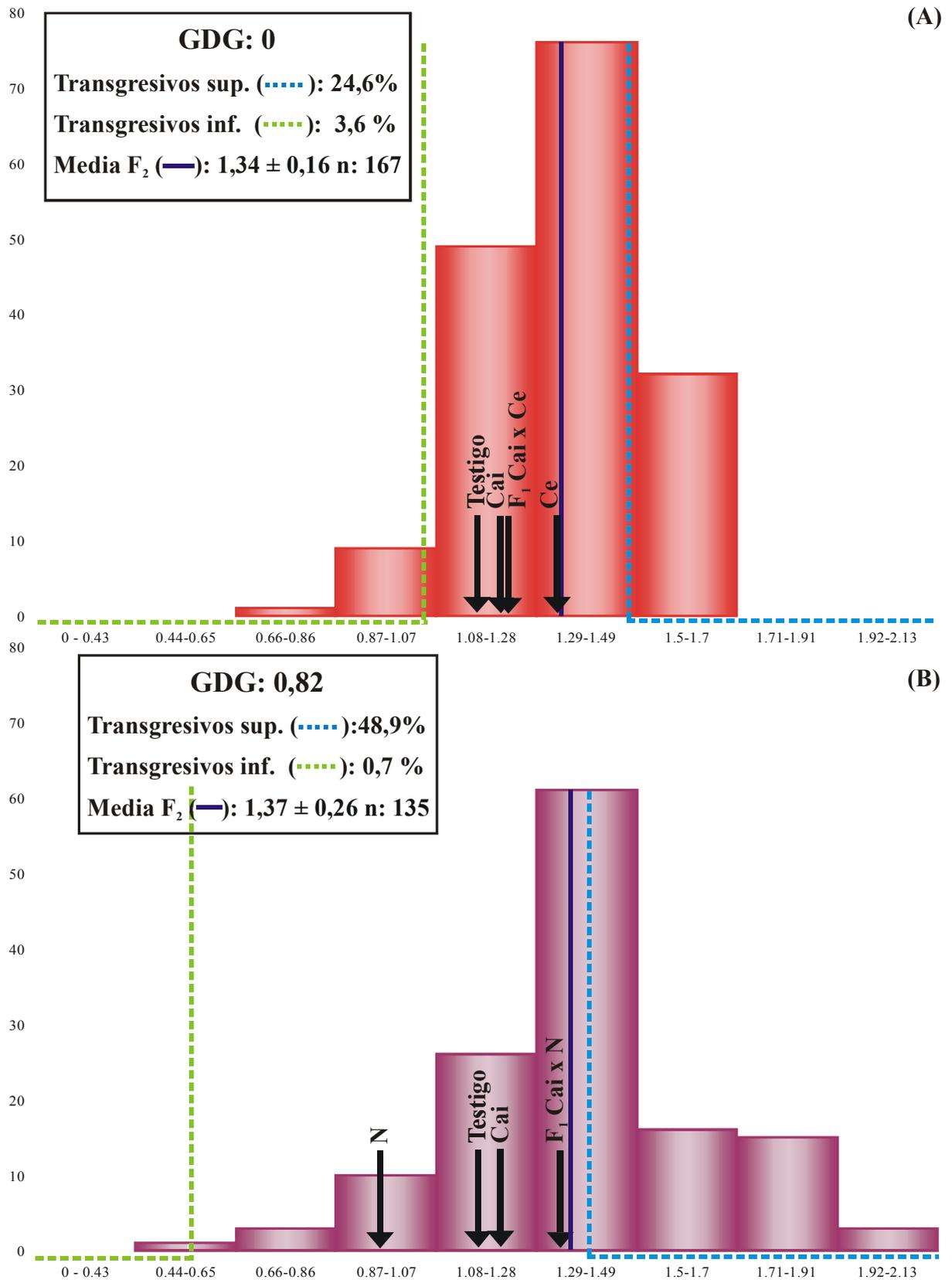


Gráfico 15: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter sólidos solubles (SS) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

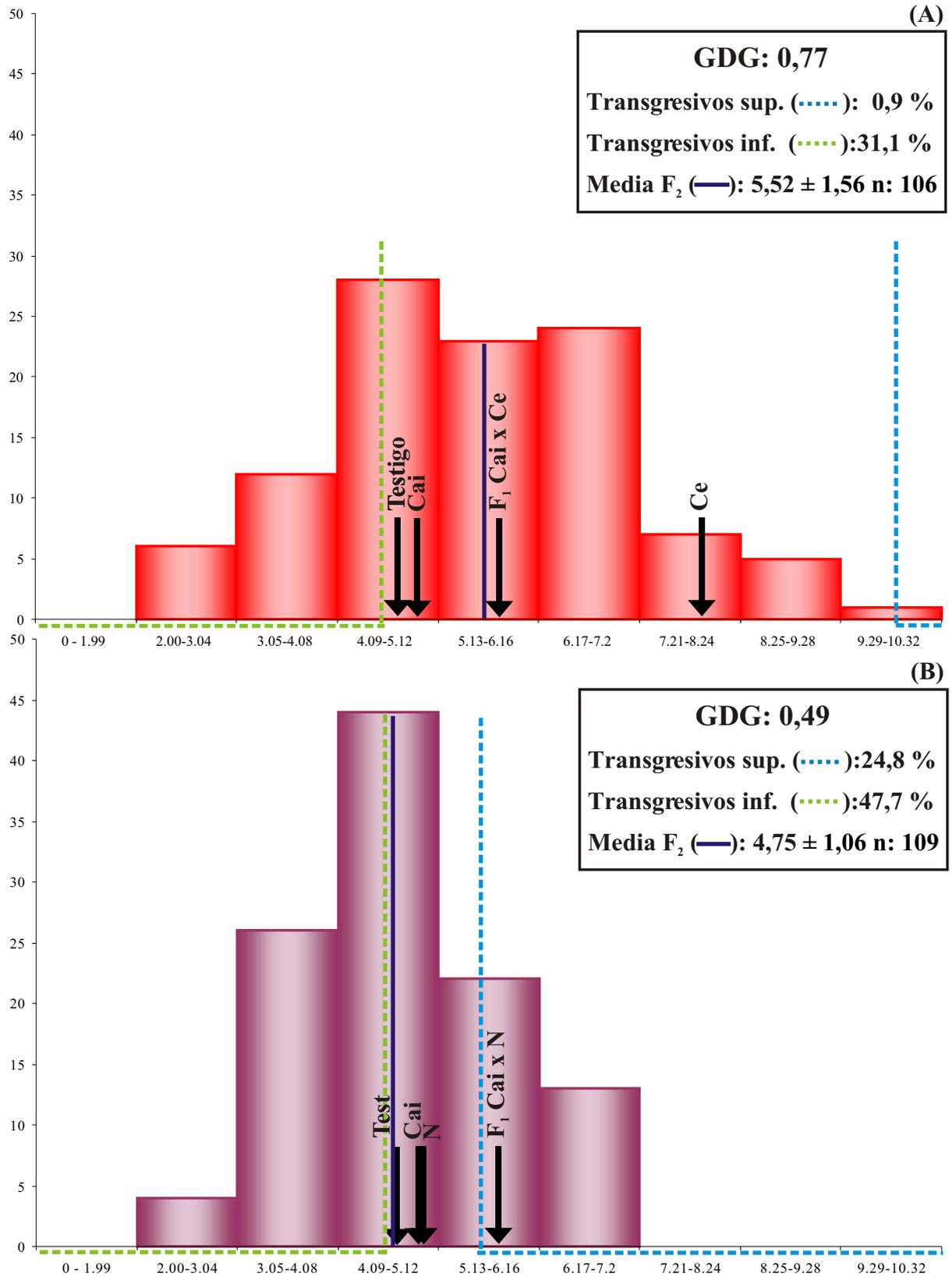


Gráfico 16: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter ph (pH) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).

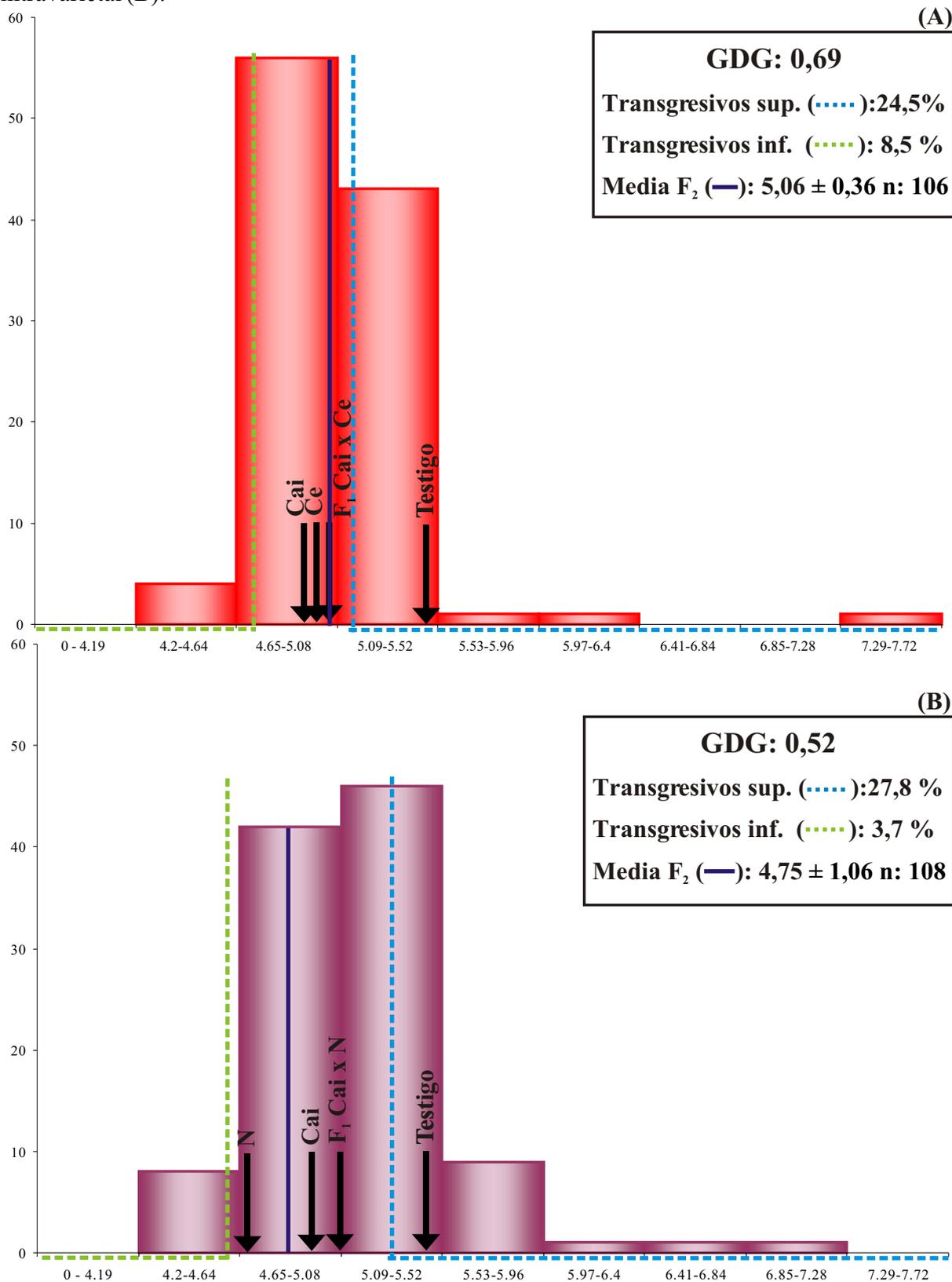
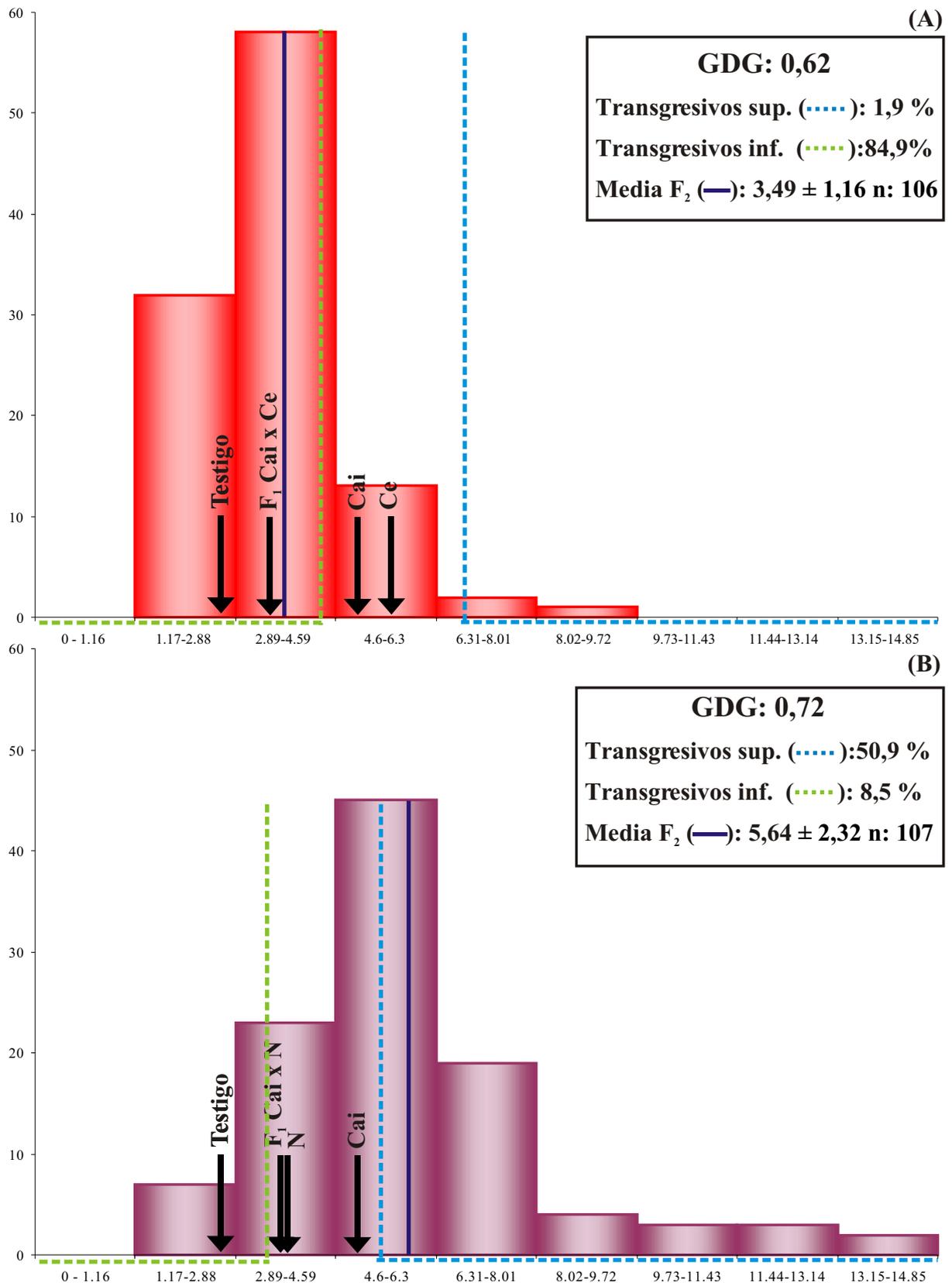
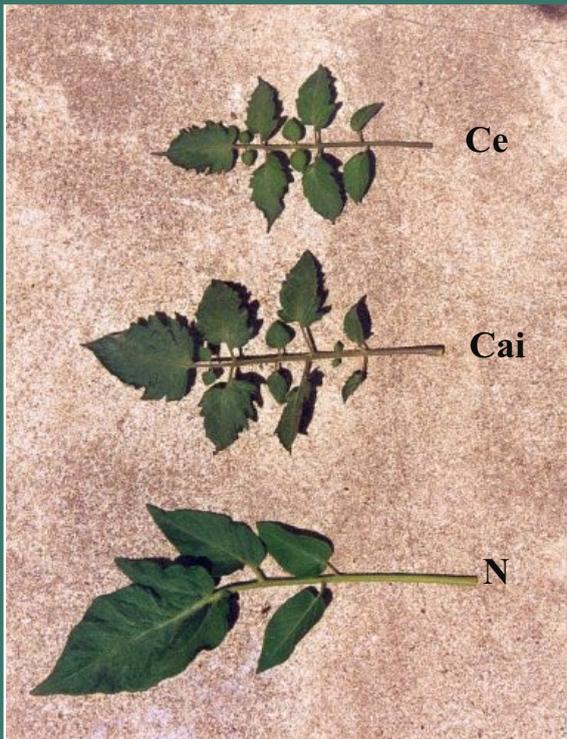


Gráfico 17: Distribución de frecuencias de los individuos F_2 , valores medios de los progenitores y el híbrido correspondiente para el carácter acidez titulable (AT) en el cruzamiento intervarietal (A) e intravarietal (B).



ANEXO III



**FOTO N° 1: TIPO DE HOJA DE
LOS PROGENITORES**



**FOTO N° 2: COLORÍMETRO
CHROMAMETER CR 300**

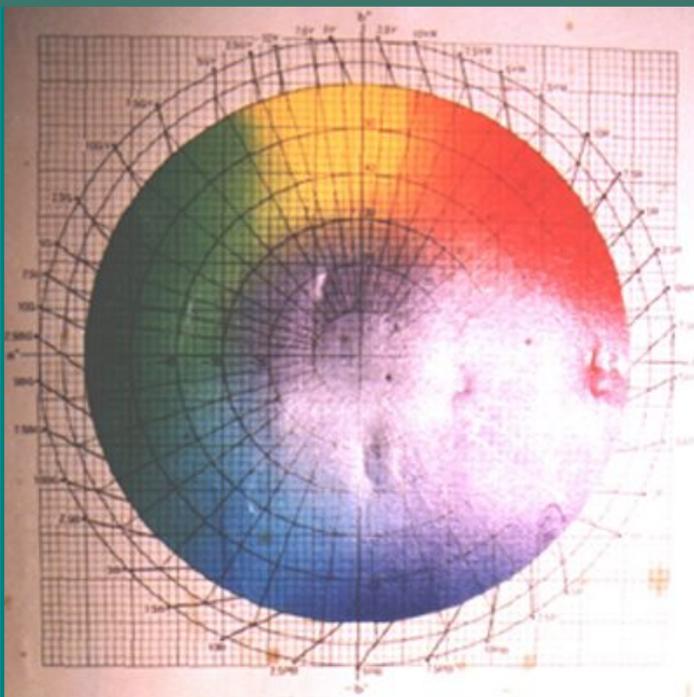


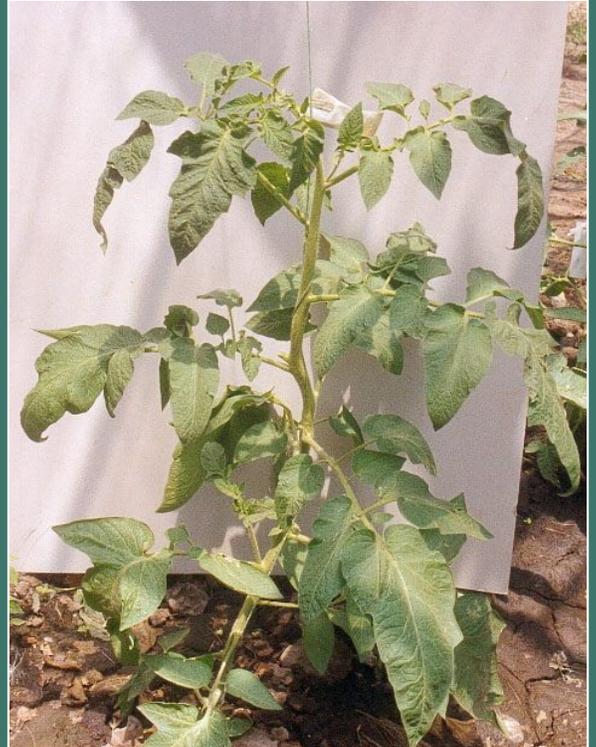
FOTO N° 3: CARTA DE COLORES



**FOTO N° 4:
REFRACTÓMETRO**



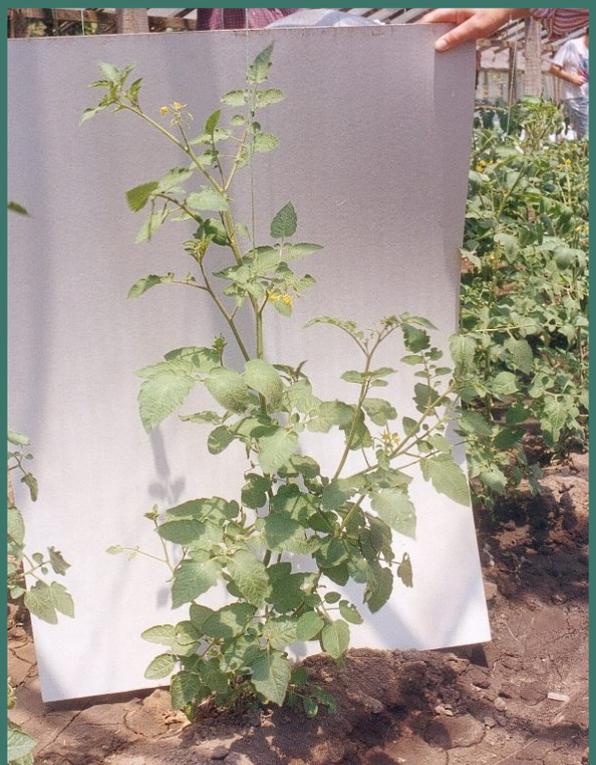
**FOTO N° 5: ESTANTERÍAS
UTILIZADAS PARA MEDIR
VIDA POSCOSECHA**



**FOTO N° 6: *L. esculentum* var.
esculentum cv. Nor**



**FOTO N° 7: *L. esculentum* var.
esculentum cv. Caimanta**



**FOTO N° 8: *L. esculentum* var.
cerasiforme LA 1385**



FOTO N° 9: Híbrido Cai x N



FOTO N° 10: Híbrido Cai x Ce

FOTO N° 16: Generaciones F₂ en invernadero. Indicado con líneas la diferencia de alturas relacionado con la precocidad y el crecimiento



F₂ Cai x Ce

F₂ Cai x N



FOTO N° 11: N



FOTO N° 12: Ce



FOTO N° 13: Cai



FOTO N° 14: F₁ Cai x N



FOTO N° 15: F₁ Cai x Ce

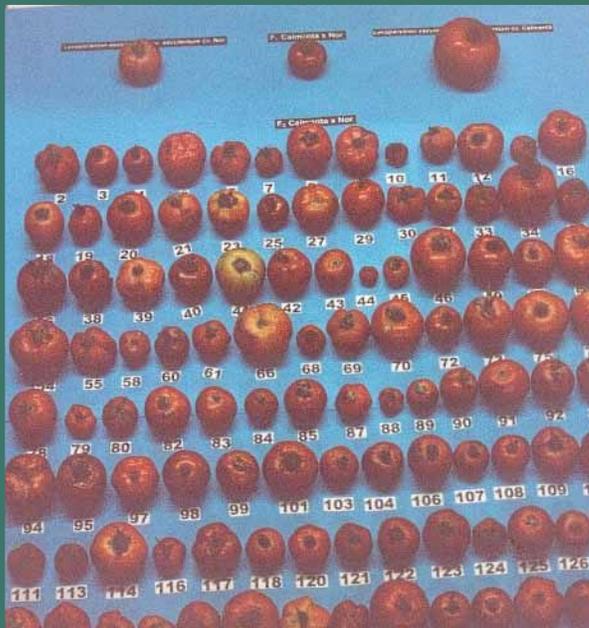


FOTO N° 17: F₂ Cai x N

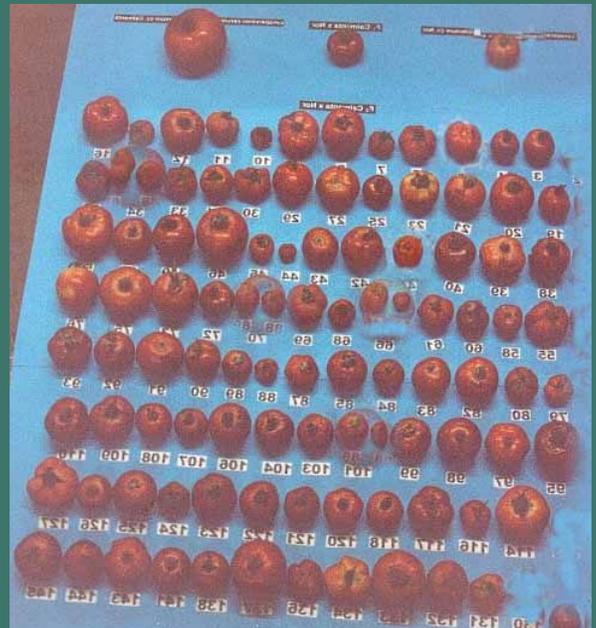


FOTO N° 18: F₂ Cai x Ce

FIN