



UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA

CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA

Volumen: 1, Nro. 1: 2012

Loja - Ecuador
2012

CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA

UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA

Volumen: 1, Nro. 1

Año: 2012

ISSN: 1390-7573

IEPI: CUE-000967

COMITE EDITORIAL:

Dr. Rómulo Chávez Valdivieso, Ph. D.

DIRECTOR DE INVESTIGACIÓN - UNL

Ing. Iván Granda Mora, Mg. Sc.,

DOCENTE INVESTIGADOR DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA

COMITÉ DE REVISIÓN:

Aminael Sánchez Rodríguez, Ph.D.,

Roldán Torres Gutiérrez, Ph.D.

Klever Iván Granda Mora, Mg. Sc.

EDITOR:

Rómulo Chávez Valdivieso, Ph.D.

DIRECCION: Ciudad Universitaria "Guillermo Falconí Espinosa", Sector "La Argelia"

EMAIL: centrobiotecnologia@unl.edu.ec

César Sandoya V.

RESPONSABLE DE COMUNICACIÓN INSTITUCIONAL

Byron Gutiérrez Q.

DISEÑO Y DIAGRAMACIÓN - UNL

Loja – Ecuador

CONTENIDOS

I. ARTÍCULOS DE REVISIÓN

- 6** **RECURSOS GENÉTICOS PARA LA AGRICULTURA Y LA ALIMENTACIÓN**
Autor: Ing. Aníbal Homero Ruiz Sánchez.
- 14** **BIOLOGÍA DE SISTEMAS Y BIOINFORMÁTICA: ESTUDIO DE INTERACCIONES FITOPATOLÓGICAS**
Autores: Ing. Marlon Pineda Escobar, Dr. Ph.D. Aminaél Sánchez Rodríguez
- 23** **MICROORGANISMOS DIAZOTRÓFICOS Y SU CONTRIBUCIÓN A LA FIJACIÓN BIOLÓGICA DEL NITRÓGENO**
Autores: Ing. Klever Iván Granda Mora, M.Sc., Biólogo. Santiago Erazo Sotomayor.
- 34** **USO DE MICROORGANISMOS ANTAGONISTAS Y SUSTANCIAS NATURALES COMO UNA ALTERNATIVA ECOLÓGICA EN EL CONTROL DE ENFERMEDADES EN CULTIVOS**
Autor: Ing. Ángel Rolando Robles Carrión, M.Sc.
- 44** **MARCADORES MOLECULARES GENERADOS PARA SOLANUM SECCIÓN LYCOPERSICON**
Autora: Ing. María Natalia Morales Palacio Mg.Sc.
- 50** **NANOESTRUCTURAS POLIMÉRICAS PARA LA DETECCIÓN DE ADN**
Autor: Ing. Iván Burneo Saavedra Mg. Sc.

II. RESUMEN DE PROYECTOS:

- 64** **“ESTUDIO DE LAS INTERACCIONES PATÓGENO-PATÓGENO, QUE SE ESTABLECEN DURANTE EL DESARROLLO DE LA ENFERMEDAD DE LA MARCHITEZ VASCULAR EN EL BABACO (VASCONCELLEA HELBORNII VAR. PEN-TAGONA)”**
Autor: Ing. Marlon Pineda Escobar
- 64** **“PRODUCCIÓN DE UN BIOINOCULANTE EFICIENTE PARA EL CULTIVO DE LEGUMINOSAS: MEDIANTE LA UTILIZACIÓN DE CEPAS NATIVAS DE MICROORGANISMOS DIAZOTRÓFICOS”**
Autor: Ing. Kléver Iván Granda Mora, M.Sc
- 65** **“MARCADORES MOLECULARES GENERADOS PARA SOLANUM SECCIÓN LYCOPERSICON”**
Autor: Ing. María Natalia Morales Palacio, Mg.Sc
- 65** **“AMPLIACIÓN Y ESPECIALIZACIÓN DEL BANCO DE GERMOPLASMA DEL CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL DE LOJA, PRIORIZANDO LEGUMINOSAS DE LA ZONA 7 DEL ECUADOR”**
Autor: Ing. Aníbal Homero Ruiz Sánchez.
- 66** **“DESARROLLO DE BIOSENSORES ELECTROQUÍMICOS “LABEL-FREE” MEDIANTE EL USO DE MATERIALES NANOESTRUCTURADOS PARA LA DETECCIÓN TEMPRANA Y RÁPIDA DE CÁNCER”.**
Autor: Ing. Iván Burneo Saavedra Mg. Sc.
- 66** **PRODUCCIÓN DE BACTERINAS INACTIVADAS PARA PREVENIR LAS INFECCIONES RESPIRATORIAS DE ORIGEN BACTERIANO EN COBAYOS (Cavia porcellus) DE LA PROVINCIA DE LOJA.**
Autora: Med. Vet. Vanessa Herrera Yunga

III. INFORMATIVO

- 68** **INFORMATIVO DEL CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA - 2011**

EDITORIAL

El Centro de Biotecnología (CB) de la Universidad Nacional de Loja, se creó como una entidad responsable de la investigación científica aplicada, innovación biotecnológica y docencia, con el objetivo de impulsar la Biotecnología en beneficio de la colectividad, con especial énfasis en lo productivo y social, por lo tanto el CB considera las necesidades de los sectores agrícola, ambiental, pecuario, de salud pública, y apoyo a la investigación para la vida, el desarrollo y la legislación, siendo esta unidad académica un referente para la región sur y el Ecuador, que ofertará alternativas tecnológicas, y se proyecta a desarrollar estudios de Posgrado y de Maestría en Ciencias Biotecnológicas en coordinación con las Áreas Académicas de la Universidad Nacional de Loja y otras entidades públicas y privadas nacionales y externas.

El Centro de Biotecnología cuenta con instalaciones y equipamiento para realizar estudios, exploración y manipulación de genes de animales, plantas, y microorganismos de interés económico y ecológico, así como para desarrollar biotecnologías competitivas, con enfoque multi e interdisciplinario

La presente publicación abarca artículos de revisión sobre las temáticas biotecnológicas referentes a los proyectos de investigación propuestos a desarrollar en el Centro de Biotecnología, en los que se proporciona en forma resumida y analítica el Estado del Arte con la información actualizada generada por centros e investigadores del mundo científico. En la segunda sección se proporciona un resumen de los proyectos de generación biotecnológica que han sido formulados y elaborados por el personal de investigadores del Centro de Biotecnología y se han sometido al análisis de pares externos y a captación de financiamiento para su ejecución. Finalmente se describe las actividades vinculadas con la gestión del centro y cumplidas durante el año 2011.



AUTORIDADES UNIVERSITARIAS:

Dr. Gustavo Villacís Rivas, Mg.Sc.,
RECTOR

Dr. Ernesto González Pesantes, Mg.Sc.,
VICERRECTOR

Dr. Rómulo Chávez Valdivieso, Ph.D.
DIRECTOR DE INVESTIGACIÓN - UNL

COMITÉ DIRECTIVO DEL CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA:

Dra. Graciela Yépez de Ruíz,
DIRECTORA DEL ÁREA JURÍDICA, SOCIAL Y ADMINISTRATIVA (E)

Dr. Edgar Benítez González, Mg.Sc.,
DIRECTOR DEL ÁREA AGROPECUARIA Y DE RECURSOS NATURALES RENOVABLES

Dr. César León Aguirre,
DIRECTOR DEL ÁREA DE LA EDUCACIÓN, EL ARTE Y LA COMUNICACIÓN (E)

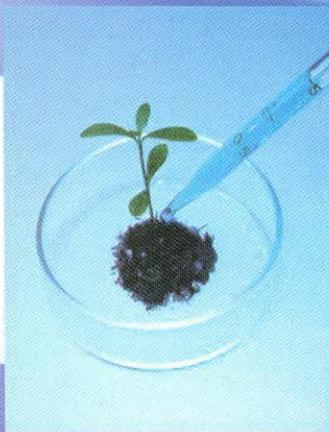
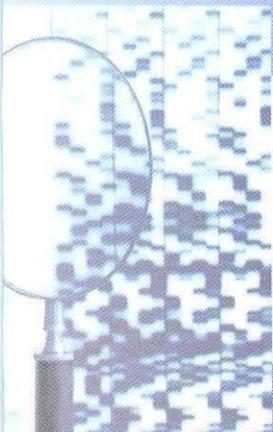
Dr. Jorge Reyes Jaramillo,
DIRECTOR DEL ÁREA DE LA SALUD HUMANA (E)

Ing. José Ochoa Alfaro,
DIRECTOR DEL ÁREA DE LA ENERGÍA, LAS INDUSTRIAS Y LOS RECURSOS NATURALES RENOVABLES

Dr. Tito Muñoz Guarnizo, Mg. Sc.,
DIRECTOR DEL CENTRO DE BIOTECNOLOGÍA



I. Artículos de revisión

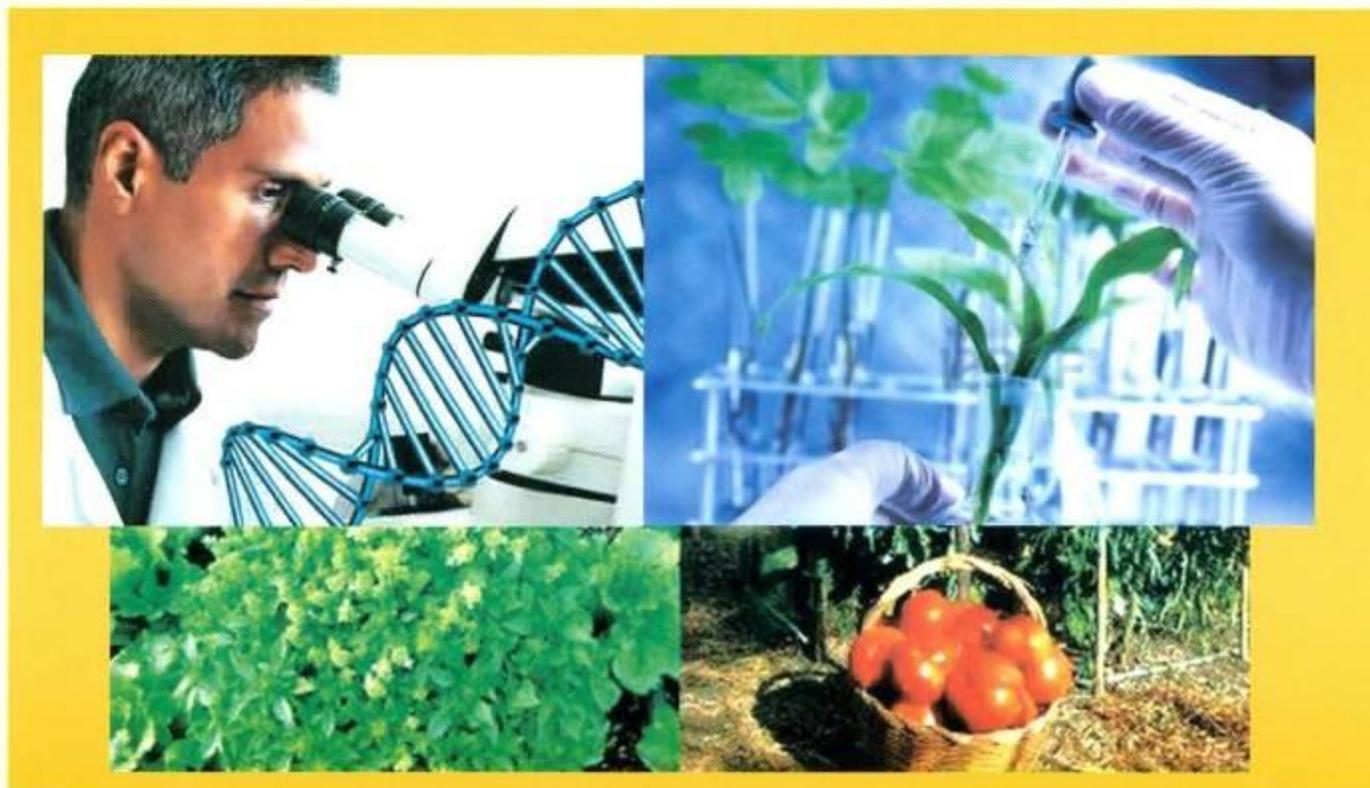




MARCADORES MOLECULARES GENERADOS PARA SOLANUM SECCIÓN LYCOPERSICON

María Natalia Morales Palacio¹

1. Centro de Biotecnología, Universidad Nacional de Loja, Ciudad Universitaria Guillermo Falconí Espinosa "La Argelia" - PBX: 072547252 - Casilla Letra "S" E-mail: nataliamorales88@yahoo.es



RESUMEN

La hortaliza más difundida en todo el mundo y la de mayor valor económico es el tomate riñón (*Solanum lycopersicum*). Esta situación ha despertado desde hace más de una década, enorme interés en científicos de todo el planeta. La genética molecular ha tenido un impacto significativo en la estimación de su diversidad genética, en la determinación de la filogenie existente entre las diferentes especies silvestres de la sección *Lycopersicon*, así como en la generación de marcadores moleculares que han asistido a los genetistas, en la mejora genética de los cultivos comerciales. Ha sido generada para su estudio, abundante información para muchos de los marcadores de ADNc mapeados, los cuales han sido integrados dentro de un extenso consenso en el Tomato Gene Index en el Insitute for Genomic Research, se ha realizado el mapeo de marcadores de ADNc, pruebas multilocus para determinar los efectos de la subdivisión de especies estrechamente emparentadas, se han diseñado primers específicos basados en datos publicados sobre ADNc o secuencias de ADN genómico, los productos amplificados han sido secuenciados y las nuevas secuencias generadas depositadas en la base de datos del Gene Bank, de manera que al momento la comunidad científica cuenta con basta información sobre el genoma, así como con el grado de filiación de las diferentes especies silvestres relacionadas genéticamente pertenecientes a la sección *Lycopersicon*.



Palabras clave: Tomate, Solanum, Lycopersicon, Filogenie, Genética, Marcador, Especie, Silvestre

ABSTRACT

Tomato (*Solanum lycopersicum*) is the most important vegetable around the world and it has a very high economic value. This situation has caused too much interest for investigation in scientist around the entire. Molecular genetics has had a significant impact for the estimation of genetic diversity, in the phylogeny studies from wild species of *Lycopersicon* section, and from generation of molecular markers which have been used by geneticist in order to be attended from the genetic improvement of the tomatoes cultivars. Has been generated for tomato studies, a long information for many of the mapped cDNA markers, which have been joined into the General Index in Tomato Institute for Genomic Research, has made the mapping of cDNA markers, multilocus tests in order to determine the effects of the subdivision of closely related species, has been designed specific primers based on published data about cDNA or genomic DNA sequences, the amplified products were sequenced and generated new sequences, and joined in the Gene Bank Database. In this moment, the entire scientific community has enough information about the genome, as well as the level of relationships between genetically related wild species belonging to the section *Lycopersicon*.

Key words: Tomato, Solanum, Lycopersicon, Phylogeny, Genetics, Marker, Wild

PROBLEMÁTICA

El tomate riñón (*Solanum lycopersicum*), es la hortaliza más difundida en todo el mundo y la de mayor valor económico, por lo que su cultivo, producción y comercio, se han incrementado en los últimos años; por ello, el principal objetivo de los mejoradores ha sido el de obtener variedades híbridas mejoradas que presenten resistencia a factores bióticos y abióticos, mayor productividad y mejor calidad del fruto.

En el Ecuador, el tomate se cultiva en dos regiones. En el litoral se cultiva principalmente el tomate industrial, registrándose en el 2008 un total de 1023 ha cultivadas y una producción de 15323 Tm; mientras que en los valles cálidos de la región interandina se cultiva mayoritariamente tomate de mesa, con 1586 ha cultivadas y una producción de 35151 Tm en ese mismo año. El total de tomate producido a nivel nacional en el 2008 fue 2610 Ha cultivadas, con una producción de 50551 Tm ^[1].

En el extremo Sur oriental de la región Inte-

randina (provincia de Loja), su cultivo constituye una importante forma de ingresos para pequeños y medianos productores, sin embargo a nivel regional su producción es muy deficiente y se ha ido decrementando paulatinamente, de manera que en el año 2004 aquí se producía el 34,8% de tomate de la región y en el año 2008 solamente el 4,7%. ^[1]

La baja productividad de éste agroecosistema, se debe principalmente a que con el inicio de la explotación petrolera en el Amazonas, el Ecuador experimentó un auge económico que aceleró la modernización de su agricultura en la zona costera del Pacífico, basada en el alto uso de insumos. ^[2] La agricultura tradicional de la serranía, también fue influenciada por esta tendencia de modernización, donde los pequeños agricultores de la Sierra producen productos para el autoconsumo y el mercado local, con el empleo exagerado de agroquímicos, particularmente, con hortalizas económicamente rentables como el tomate; por lo que, el fácil acceso a los plaguicidas, la poca capacitación sobre su uso seguro y el uso de variedades mejoradas para las condiciones de los países donde se producen,



ha provocado la difusión del uso incorrecto de estos productos en Ecuador, además del efecto negativo en la calidad de los frutos, la salud de los consumidores y productores el medio ambiente y los sistemas agrícolas.

INTRODUCCIÓN

El Ecuador es mundialmente conocido por su flora y fauna únicas y posee una enorme variabilidad genética en varias especies de interés económico y social para el país. Numerosas especies silvestres de la sección Lycopersicon en las cuales reside toda la variabilidad genética disponible y que están emparentadas a las variedades cultivadas de tomate, se encuentran abundantemente distribuidas en las estribaciones de los Andes del Ecuador: (*Solanum pimpinellifolium*, *S. habrochaites*, *S. lycopersicum* var. *cerasiforme*, *S. cheesmanii*, *S. chmielewskii*, *S. chilense*, *S. neorickii*, *S. peruvianum*, *S. pennellii*).^[3]

El enorme interés económico mundial sobre estas especies ha ocasionado que se hayan potencialmente utilizado para el mejoramiento genético de las variedades cultivadas, por poseer características interesantes para el mejoramiento tales como tolerancia a la humedad, resistencia a hongos e insectos, podredumbre de las raíces, mejora del color de los frutos, tolerancia a la sal, alto contenido de azúcar, tolerancia al frío y heladas, resistencia a la sequía; alto contenido de licopeno, etc.^[3]

Sin lugar a dudas, en las últimas décadas la genética molecular ha tenido un impacto significativo en la estimación de la diversidad genética de las especies, en la determinación de la filiación genética, en la búsqueda de genes responsables de caracteres agronómicos de interés; así como, en la generación de marcadores moleculares que han permitido asistir a los genetistas, en la mejora genética de los cultivos comerciales. El tomate riñón, siendo

una hortaliza de consumo masivo, posible de cultivar prácticamente en todos los países del mundo y casi en todas las latitudes, justifica el hecho de que haya despertado profundo interés en científicos de todo el mundo, quienes han generado información en el campo molecular sobre las especies silvestres, las cuales constituyen el pool de genes para el mejoramiento de los cultivares comerciales.

Así por ejemplo, un estudio publicado en 1996, mediante el empleo de cerca de 2000 secuencias de especies de solanáceas registradas en el EMBL y la base de datos del Banco de Genes, se encontraron 220 regiones

Un estudio publicado en 1996, mediante el empleo de cerca de 2000 secuencias de especies de solanáceas registradas en el EMBL, y la base de datos del Banco de Genes, se encontraron 220 regiones microsatélite en la familia Solanaceae y 80 regiones microsatélite en el género Lycopersicon.

microsatélite "STRs" (Short Tandem Repeats) en la familia Solanaceae y 80 regiones microsatélite en el género Lycopersicon. Las repeticiones dinucleotídicas fueron encontradas en regiones no codificantes del ADN, mientras que las repeticiones trinucleotídicas fueron predominantemente encontradas en los exones del ADN. De las 80 regiones mi-

cro-satélite del género Lycopersicon, escogieron 44 loci, identificando 36 pares de primers que mostraron fragmentos legibles o grupos de fragmentos en cultivares de *L. esculentum* y otras especies de Lycopersicon. Encontraron 29 bandas polimórficas para 4 especies de Lycopersicon y 10 pares de primer resultaron polimórficos en 7 cultivares de tomate.

El porcentaje de loci polimórficos entre cultivares varió desde el 6% en los loci más pequeños, hasta 60% en los grupos con número de repeticiones mayores, sin embargo entre especies, encontraron hasta un 83% de polimorfismo. En el trabajo se reportan entre 2 y 4 formas alélicas diferentes, aunque en unos pocos casos encontraron más de 8 formas alélicas distintas; por lo que, mediante el estudio se presentan loci microsatélites útiles para distinguir entre cultivares de tomate que se encuentren genéticamente estrechamente relacionados unos con otros.^[4]



En un estudio posterior, publicado en el 2005, otros autores publican los resultados de un estudio multilocus con el cual evalúan los patrones de polimorfismo de nucleótidos dentro y entre tres especies autoincompatibles de tomates silvestres (Clado *Lycopersicon*) estrechamente relacionadas. Basados en los datos de secuencias de ADN para 13 loci nucleares, encontraron que la especiación ocurrió bajo un flujo de genes residuales, lo que implica a la selección natural, como una de las fuerzas de la evolución de conducir a la diversificación de los linajes de tomate. [5]

Las relaciones genéticas existentes entre las diferentes especies silvestres relacionadas con el tomate cultivado habían sido hasta el momento estudiadas por diversas técnicas como los RFLPs (restriction fragment length polymorphisms), ADN mitocondrial, ADN nuclear y cloroplástico; regiones microsatélites, isoenzimas, ITS (secuencias de genes de transcritos espaciadores internos) o de ADN ribosómico nuclear, SNPs (single copy nuclear polymorphism), GBSSI (granule-bound Starch Synthase gene), datos morfológicos, etc. En el 2005, se publican los resultados de un estudio en el que se emplean marcadores de tipo AFLPs, pero que además compara los resultados obtenidos, con aquellos generados previamente por diferentes técnicas. El estudio considera 10 especies de tomate silvestre, incluyendo el recientemente descrito en ese entonces *S. galapagense*, con una concentración en la mayoría de especies variables y distribuidas de *S. peruvianum*. Los datos generados mediante AFLPs, resultan largamente concordantes con aquellos generados con el GBSSI y los datos morfológicos; y, en general apoyan los resultados publicados por C.M. Rick; sin embargo, demuestran la distinta naturaleza de las poblaciones del norte y el sur del Perú (*S. peruvianum*) o sugieren que la taxonomía necesita una revisión. *Solanum ochranthum* es mantenido como hermano de las especies silvestres de tomate y *S. habrochaites* y *S. pennellii* se ubican en el clado del tomate. [6]

Posterior al trabajo antes descrito y durante el mismo año, se reportan dos nuevas especies de tomate silvestre (*Solanum arcanum* y *S. huaylasense*) segregadas de *Solanum peruvianum*. Estas dos especies se ubican en el clado con otros dos segregantes de *S. peruvianum* (*S. peruvianum sensu stricto* y *S. corneliomulleri*) y junto a la morfológicamente similar (*S. chilense*). En la publicación además presentan una lista de todas las 13 especies de tomate silvestre reconocidas y sus equivalentes nombres en la sección *Lycopersicon*. [7]

En el 2007 se publican los resultados de la secuenciación de ocho loci nucleares no ligados en 4 poblaciones de dos especies relacionadas (*Solanum peruvianum* y *S. Chilense*), con un total evaluado de 40 a 46 alelos por locus y por especie. Tanto el polimorfismo como la diversidad nucleotídica para cada locus y cada población fueron cuantificadas, reportándose que la mayoría de los loci y de las poblaciones muestran polimorfismo. El mayor nivel de polimorfismo lo encontraron en las poblaciones de *S. peruvianum* del norte peruano, respecto de las poblaciones del sur. En cuanto a *Solanum chilense*, tres poblaciones muestran comparables niveles de diversidad, mientras que otras 2 muestran una diversidad tan alta como las que encontraron en *S. peruvianum*. En el trabajo reportan que ambas especies mostraron gran variación de nucleótidos y proponen que la estructura de la población es una de las más importantes fuerzas de la evolución dentro y entre poblaciones en estos tomates silvestres. [8]

En el 2008, se publica un estudio sobre genética de poblaciones en dos especies de tomate silvestre estrechamente relacionadas (*S. peruvianum* y *S. chilense*) pertenecientes a la sección *Lycopersicon*, colectadas en el centro y el sur del Perú; para ello realizan una secuenciación multilocus que les permite generar patrones de polimorfismo y divergencia en estas especies de tomate silvestres muy relacionadas. En el estudio focalizan múltiples poblaciones de las dos especies, escogiendo un subconjunto de loci previamente analizados en trabajos iniciales (Roselius et al 2005; Stadler



et al 2005; Tanksley et al 1992). Los resultados que obtienen sugieren que la especiación ocurrió bajo flujo genético residual, lo cual implica que la selección natural es una de las fuerzas evolutivas que maneja la divergencia de estas dos especies de tomate (tiempo de divergencia igual o menor a 0,55 millones de años).^[9] Tal inferencia es fuertemente consistente con lo reportado por investigadores en trabajos previos, como los anteriormente citados.

La población ecuatoriana de especies silvestres del grupo *Lycopersicon* había estado escasamente representada en estudios previos, hasta que un grupo de investigadores publi-

can en el 2008 los resultados de un estudio de estructura poblacional en una especie silvestre propia de las áreas costeras del Perú y Ecuador; y, que ha sido fuente para la generación de muchas variedades comerciales (*Solanum pimpinellifolium*).

Su variación fue detectada en 10 regiones microsatélites y analizaron 248 plantas representativas del área entera de distribución, con énfasis en la población ecuatoriana. En el estudio se reportan grandes diferencias genéticas en las dos poblaciones; así, las poblaciones peruanas no presentan estructura genética, mientras que las ecuatorianas se encuentran geográficamente parchadas. Los autores señalan que una posible causa de esta diferencia podría ser la naturaleza no uniforme del clima ecuatoriano, ya que encontraron una importante correlación entre la estructura genética y el clima. Por otro lado, las poblaciones ecuatorianas y del sur peruano presentan baja diversidad genética y alta heterocigosidad, posiblemente debido a la alta autogamia, pequeño tamaño de las poblaciones y formación de cuellos de botella. El extremo de casi ninguna diversidad genética lo presentan las poblaciones de las Islas Galápagos, a causa posiblemente de una reciente colonización desde regiones del Guayas y Los Ríos continental, donde encontraron plantas genéticamente idénticas.^[10]

Las poblaciones ecuatorianas y del sur peruano presentan baja diversidad genética y alta heterocigosidad, posiblemente debido a la alta autogamia, pequeño tamaño de las poblaciones y formación de cuellos de botella.

Durante el siguiente año, se publica un estudio el cual señala que en general, tanto la clasificación como la filogenia de las especies que pertenecen a la sección *Lycopersicon* es compleja debido a la ausencia de un consenso que sea ampliamente aceptado; además, señala que estas especies divergieron recientemente y que aún están estrechamente relacionadas al punto en que en algunos casos son incluso capaces de hibridarse interespecíficamente, lo cual disminuye aun más el poder diferenciar la variación intra e interespecífica. El estudio permitió dar solución a los problemas antes mencionados, mediante el empleo de muchas accesiones que cubrieron el rango natural de cada especie que emplearon. En el estudio utilizan para la clasificación y relación filogenética la técnica de los AFLPs en dos secuencias de genes nucleares; en adición para evitar los sesgos debido al método molecular empleado (AFLP), caracterizan el material con dos secuencias de genes nucleares. Los datos obtenidos sugieren una clasificación similar a aquellos previamente propuestos por otros autores, así como algunos cambios significativos. En el estudio se reconocen y distinguen doce especies; además, proponen que la especie *S. corneliomulleri* es distinguible de *S. peruvianum*. En adición, los arboles obtenidos con ambas técnicas (secuencias y AFLPs) sugieren que *S. arcanum* podría representar un complejo de poblaciones compuesta de dos especies crípticas. Con la búsqueda de las relaciones filogenéticas entre especies, encuentran algunos grupos claros: Grupo *Lycopersicon* (*S. pimpinellifolium*; *S. Lycopersicum*; *S. cheesmaniae*; *S. galapagense*) Grupo *Arcanum*: (*S. chmielewskii*; *S. neorickii*; *S. Arcanum*; *S. huaylasense*) Grupo *Eriopersicon*: (*S. peruvianum*; *S. chilense*; *S. penellii*; *S. habrochaites*); y, no incluido en ningún grupo, pero estrechamente relacionado *S. lycopersicoides*.^[11]

ron el rango natural de cada especie que emplearon. En el estudio utilizan para la clasificación y relación filogenética la técnica de los AFLPs en dos secuencias de genes nucleares; en adición para evitar los sesgos debido al método molecular empleado (AFLP), caracterizan el material con dos secuencias de genes nucleares. Los datos obtenidos sugieren una clasificación similar a aquellos previamente propuestos por otros autores, así como algunos cambios significativos. En el estudio se reconocen y distinguen doce especies; además, proponen que la especie *S. corneliomulleri* es distinguible de *S. peruvianum*. En adición, los arboles obtenidos con ambas técnicas (secuencias y AFLPs) sugieren que *S. arcanum* podría representar un complejo de poblaciones compuesta de dos especies crípticas. Con la búsqueda de las relaciones filogenéticas entre especies, encuentran algunos grupos claros: Grupo *Lycopersicon* (*S. pimpinellifolium*; *S. Lycopersicum*; *S. cheesmaniae*; *S. galapagense*) Grupo *Arcanum*: (*S. chmielewskii*; *S. neorickii*; *S. Arcanum*; *S. huaylasense*) Grupo *Eriopersicon*: (*S. peruvianum*; *S. chilense*; *S. penellii*; *S. habrochaites*); y, no incluido en ningún grupo, pero estrechamente relacionado *S. lycopersicoides*.^[11]

zan el material con dos secuencias de genes nucleares. Los datos obtenidos sugieren una clasificación similar a aquellos previamente propuestos por otros autores, así como algunos cambios significativos. En el estudio se reconocen y distinguen doce especies; además, proponen que la especie *S. corneliomulleri* es distinguible de *S. peruvianum*. En adición, los arboles obtenidos con ambas técnicas (secuencias y AFLPs) sugieren que *S. arcanum* podría representar un complejo de poblaciones compuesta de dos especies crípticas. Con la búsqueda de las relaciones filogenéticas entre especies, encuentran algunos grupos claros: Grupo *Lycopersicon* (*S. pimpinellifolium*; *S. Lycopersicum*; *S. cheesmaniae*; *S. galapagense*) Grupo *Arcanum*: (*S. chmielewskii*; *S. neorickii*; *S. Arcanum*; *S. huaylasense*) Grupo *Eriopersicon*: (*S. peruvianum*; *S. chilense*; *S. penellii*; *S. habrochaites*); y, no incluido en ningún grupo, pero estrechamente relacionado *S. lycopersicoides*.^[11]

[11]



CONCLUSIONES

El tomate riñón es la principal hortaliza que se cultiva y se consume alrededor del planeta entero y su cultivo y producción denota gran importancia económica para sus productores. Las especies silvestres emparentadas al tomate cultivado, son portadoras de un sinnúmero de genes de interés agronómico, por lo que estas han constituido por décadas, la fuente de genes para el mejoramiento genético de las variedades comerciales que han sido lanzadas al mercado, de manera que al momento existe una enorme cantidad de fenotipos que se comercializan (frutos rojos, amarillos, grandes, pequeños, acorazonados, ovalados, alargados, etc.), así como frutos con gran cantidad de sólidos solubles, mejorados para la industria (salsas, jugos, etc.), plantas con ciclos de cultivo más cortos, con tipo de crecimiento determinado, resistentes a factores bióticos (hongos, insectos, bacterias) como a factores abióticos (sequías, heladas, salinidad del suelo, etc.). Tal situación ha sido posible por supuesto al enorme interés que ha despertado su investigación en científicos de todo el mundo, quienes han generado numerosos estudios sobre las especies de la sección *Lycopersicon*, de manera que al momento se cuenta con enorme cantidad de información, ya sea publicada en artículos científicos, así como información ingresada en las bases de datos del Banco de genes y que están disponibles para la comunidad en general; así mismo su estudio ha permitido establecer en forma clara la relación filogenética que existe entre estas especies estrechamente emparentadas.

REFERENCIAS

1. INEC (www.inec.gob.ec).
2. **Nuez F, Prohens J, Blanca JM** (2004) Relationships, origin, and diversity of Galápagos tomatoes: implications for the conservation of natural populations. *Am J Bot* 91:86-99.
3. **Fernandez de Cordova P, Soler S, Valdivieso E, Solórzano V** (1999) Germoplasm of Solanaceae horticultural crops in the south of Ecuador. *Plant Genetic Resource Newsletter* 120:44-47.
4. **Smulders MJM, Bredemeijer G, Ruskortekaas W** (1996) Use of short microsatellites from database sequences to generate polymorphisms among *Lycopersicon esculentum* cultivars and accessions of other *Lycopersicon* species *Theor Appl Genet* 97:264-272.
5. **Städler T, Roselius K, Stephan W** (2005) Genealogical foot-prints of speciation processes in wild tomatoes: demography and evidence for historical gene flow. *Evolution Int J Org Evolution* 59:1265-1270.
6. **Spooner DM, Peralta IE, Knapp S** (2005) Comparison of AFLPs with other markers for phylogenetic inference in wild tomatoes. *Taxon* 54:43-61. *Solanum L. section Lycopersicon (Mill) Wettst.*
7. **Peralta IE, Knapp S, Spooner DM** (2005) New species of wild tomatoes (*Solanum* section *Lycopersicon*: Solanaceae) from northern Peru. *Syst Bot* 30(2):424-434.
8. **Arunyawat, U., W. Stephan and T. Städler** (2007) Using multilocus sequence data to assess population structure, natural selection, and linkage disequilibrium in wild tomatoes. *Mol. Biol. Evol.* 24:2310-2322.
9. **Städler T, Arunyawat U., Stephan W** (2008) Population genetics of speciation in two closely related wild tomatoes (*Solanum* section *Lycopersicon*). *Genetics* 178:339-350.
10. **Zuriaga E, Blanca JM, Cordero L, Sifres A, Blas-Cerdán WG, Morales R, Nuez F** (2008) Genetic and bioclimatic variation in *Solanum pimpinellifolium*. *Genet Resour Crop Evol.* Doi: 10.1007/s10722-008-9340-z.
11. **Zuriaga E, Blanca JM, Nuez F** (2009) Classification and phylogenetic relationship in *Solanum* section *Lycopersicon* based on AFLP and two gene sequences. *Genet Resour Crop Evol* 56:663-678

