

# Diversidad genética del tomate cultivado tipo “chonto”, *Lycopersicon esculentum* Mill, en las zonas productoras de Colombia

E. F. Restrepo S.<sup>1</sup> y F. A. Vallejo C.<sup>2</sup>

## COMPENDIO

Se recolectaron 25 accesiones de tomate tipo “chonto” provenientes de los departamentos del Cauca, Valle del Cauca, los del Eje Cafetero, Antioquia, Huila y Santander. Los coeficientes de variación de los descriptores cuantitativos fluctuaron entre 4.58 y 82.34%, indicando que el potencial genético disponible para los programas de mejoramiento depende del carácter que se pretenda mejorar. El análisis de clasificación con los descriptores cuantitativos y cualitativos permitió la conformación de tres grupos, en los cuales la procedencia común de las accesiones fue la causa probable de la clasificación obtenida. Se estandarizaron los protocolos para la amplificación de seis marcadores tipo microsatélites, tres de los cuales resultaron polimórficos. Sin embargo, debido al número bajo de alelos polimórficos no fue posible obtener un estimativo de la diversidad genética.

**Palabras claves:** *Lycopersicon esculentum*, descriptores, diversidad genética.

## ABSTRACT

### Genetic diversity of the cultivated tomato type «chonto» *Lycopersicon esculentum* Mill, in the producing zones of Colombia

It was collected 25 materials of tomato type “chonto”, originating from the departments of the Cauca, Valle del Cauca, Eje Cafetero, Antioquia, Huila and Santander. The coefficients of variation of the quantitative variables fluctuated among 4.58 and 82.34%, indicating that the available genetic potential for the programs of improvement depends of the character that intend to improve. The analysis of classification with the quantitative and qualitative variables, allowed the conformation of three groups, in which, the common origin of the accessions was, the probable cause of the obtained classification. It was standardized the protocols for the amplification of six markers type microsatellites, three of which, resulted polymorphics. Nevertheless, due to the low number of polymorphics alleles, it was not possible to obtain an estimative of the genetic diversity.

**Key words:** *Lycopersicon esculentum*, variables, genetic diversity.

## INTRODUCCIÓN

El tomate, *Lycopersicon esculentum* Mill, es la hortaliza más importante en Colombia y en el mundo. Constituye el 30% de la producción hortícola, con aproximadamente 4.0 millones de hectáreas sembradas y 107.972.098 toneladas de frutos cosechados en 2002 (FAO, 2003). En Colombia se cultiva tomate para consumo fresco y para industria, y el primero es el más importante desde el punto de vista económico. Para consumo fresco se utilizan cultivares tipo “chonto” y “milano”. Los tipo “chonto” poseen frutos bi o trilobulares, y corresponden al 80% de la producción

nacional; mientras que los tipo “milano” poseen frutos plurilobulares y representan el restante 20% (Vallejo, 1999).

El cultivo de tomate en Colombia presenta problemas como bajo rendimiento y calidad, carencia de cultivares nacionales, alta susceptibilidad a insectos plaga, enfermedades y condiciones adversas de clima y suelo, carencia de tecnologías adecuadas para la producción y el manejo poscosecha y altos costos de producción. Para dar solución a algunos de estos problemas, instituciones como el ICA y la Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, han realizado una serie de investigaciones (ICA, 1994; Vallejo, 1999).

Examinando la investigación realizada, se determinó que no existe estimativo de la diversidad genética

1. Estudiante de la Maestría en Recursos Fitogenéticos Neotropicales. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira.

2. Profesor titular. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira.

del tomate cultivado tipo “chonto” en las zonas productoras de Colombia, motivo por el cual no se conoce todo el potencial genético de dicho cultivo; lo que impide a su vez conocer y aprovechar la utilidad que puede tener este germoplasma para los programas de mejoramiento.

### MATERIALES Y MÉTODOS

La colección de frutos se realizó en los departamentos de mayor producción de tomate tipo “chonto” en Colombia. En el Valle del Cauca, Quindío, Caldas, Risaralda y Cundinamarca se hizo tanto en campos de agricultores y huertos caseros, como en las plazas de mercado de algunos de los municipios. En Antioquia, Cauca, Magdalena, Atlántico y Bolívar se realizó solamente en las plazas de mercado de las ciudades capitales. Se recolectaron 25 accesiones y se seleccionaron entre 10 y 20 frutos por accesión. Las semillas de cada accesión se empacaron herméticamente en envases de plástico y se conservaron en cuarto frío a 15-16°C y 46% de humedad relativa.

En la fase de caracterización y evaluación morfoagronómica de la colección se incluyeron ocho accesiones que hacían parte del Banco de germoplasma de CEUNP (cuatro líneas mejoradas, dos cultivares de tomate tipo chonto, variedad Santa Clara y dos accesiones de tomate correspondientes a la forma silvestre del tomate cultivado).

Se utilizó el diseño experimental de bloques completos al azar, con cuatro repeticiones y diez plantas por cada repetición. Se seleccionaron cinco plantas por cada repetición, para la toma y análisis de datos. Los extremos laterales de los bloques se sembraron con plántulas de tomate variedad UNAPAL-Maravilla, para eliminar el efecto de bordes.

Se evaluaron 14 descriptores cuantitativos (distancia de entrenudos, altura de la planta a primera flor, altura de la planta en el momento de comienzo de la cosecha, diámetro de tallo, días entre emergencia e inicio de la floración, precocidad, largo de fruto, ancho de fruto, grosor del pericarpio, número de lóbulos por fruto, número de frutos por inflorescencia, número de frutos por planta, peso promedio de frutos y rendimiento total por planta); y cinco descriptores cualitativos (hombreros verdes en frutos inmaduros, formato de fruto, forma del pistilo al corte, forma del ápice del fruto y color de las venas).

#### Análisis de los descriptores cuantitativos

A la matriz original de las 33 accesiones por 14 descriptores cuantitativos (trece continuos y uno discreto) se le aplicó un análisis de varianza. La matriz

se modificó para obtener un promedio por repetición por accesión de los descriptores cuantitativos continuos y el dato más frecuente (la moda) por repetición por accesión del descriptor discreto. Finalmente se obtuvo el promedio por accesión de cada descriptor continuo y la moda por accesión del número de lóbulos por fruto.

Se utilizó el programa Excel para la obtención de la estadística descriptiva de los descriptores. El análisis de componentes principales, mediante el uso del programa SAS se hizo con los descriptores cuantitativos que presentaron heredabilidades en sentido estrecho superiores al 50%, es decir, descriptores poco influenciados por el ambiente.

Con respecto al análisis de clasificación, se seleccionó la distancia de Ward para la obtención de la matriz de distancias y el criterio de afectación de Ward, para la obtención del dendrograma.

#### Análisis de los descriptores cualitativos

Se obtuvo una matriz original de 33 accesiones por 5 descriptores cualitativos (cuatro multiestado y uno doble estado). Las modalidades de los descriptores multiestado se transformaron y de esta forma cada uno de los nuevos descriptores se codificó en escala 0-1 (ausencia-presencia), de acuerdo con el procedimiento sugerido por Sneath y Sokal (1973) y por Crisci y López (1983).

Para el análisis de clasificación se utilizó el coeficiente de similitud de Dice para la obtención de la matriz de distancias, y el criterio de afectación según el método de Ward, para la obtención del dendrograma. Todos los procedimientos se realizaron mediante el uso del paquete estadístico SAS.

#### Caracterización molecular

La colección se evaluó mediante marcadores tipo microsatélites. Esta caracterización se realizó a través de las siguientes etapas: extracción de ADN (Fulton *et al.*, 1995), cuantificación del ADN, selección de los cebadores de microsatélites, estandarización de la amplificación de los microsatélites vía PCR, electroforesis y tinción con plata, y análisis descriptivo de los resultados.

### RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### Establecimiento de la colección de tomates tipo “chonto”

Se estableció la colección de tomates tipo “chonto” de las zonas productoras del mismo en Colombia, en el Banco de germoplasma de CEUNP. Las accesiones fueron recolectadas en los departamentos del Cauca, Caldas, Antioquia, Huila y Santander.

## Caracterización y evaluación morfoagronómica

### Descriptores cuantitativos

Se presentaron diferencias altamente significativas entre accesiones para los 14 descriptores. Lo anterior indicó que los descriptores cuantitativos tenían potencial de discriminar las accesiones en grupos.

Como hubo diferencias altamente significativas entre bloques para 11 de los 14 descriptores, se puede decir que el diseño se empleó correctamente en el campo. Por otro lado, las diferencias significativas entre bloques indican que el diseño logró controlar las fuentes de variación sistemática, obteniéndose entonces un control de la varianza ambiental, lo cual a su vez permitió finalmente un incremento importante de las heredabilidades de los descriptores caracterizados y evaluados.

No hubo diferencias significativas entre plantas por repetición por accesión. Esto indicó homogeneidad dentro de cada accesión y el buen control que se ejerció sobre las fuentes de variación aleatoria. Igualmente, los resultados, permitieron modificar la matriz

original de datos, para obtener un solo valor representativo por repetición, por descriptor, por accesión.

Se presentó variabilidad en mayor o menor grado en todos los descriptores evaluados, con desviaciones estándar entre 0.11 y 687.70; coeficientes de variación entre 4.58% y 82.34%; y rangos amplios (Tabla 1).

Los bajos coeficientes de variación en los descriptores días a inicio de floración y precocidad se explican por su rango estrecho de variación en la colección de chontos; contrariamente, se encontró alta variación en el descriptor frutos totales por planta (Tabla 1).

La variación en los diferentes descriptores indica que el potencial genético disponible en la colección para los programas de mejoramiento depende del carácter que se pretenda mejorar.

Los descriptores cuantitativos seleccionados por presentar heredabilidades superiores al 50% fueron: grosor de pericarpio, altura de planta en el momento de la cosecha, frutos totales por planta, ancho de fruto, peso promedio de fruto y largo de fruto.

**Tabla 1. Estadística descriptiva de los descriptores cuantitativos, utilizados en la evaluación de la colección de tomates tipo chonto.**

Descriptor cuantitativo	Rango	Media o Moda*	Desviación estándar	C.V (%)
Días a inicio de floración	55.00 – 77.00	67.22	4.74	7.05
Altura de planta a primera flor (cm)	16.70 - 45.73	30.98	9.31	30.04
Diámetro de tallo (cm)	0.78 – 1.29	1.08	0.14	13.20
Distancia de entrenudos (cm)	12.42 – 20.95	16.13	2.20	13.62
Precocidad (días inicio de cosecha)	95.00 – 114.00	105.83	4.85	4.58
Altura planta en inic. cosecha (cm)	72.43 – 174.75	137.82	33.93	24.62
Frutos por inflorescencia	4.00 – 6.00	5.20	0.67	12.92
Largo del fruto (cm)	3.26 – 9.74	6.17	1.15	18.57
Ancho del fruto (cm)	2.47 – 6.08	5.48	0.70	12.83
Grosor del pericarpio (cm)	0.49 – 0.97	0.87	0.11	12.65
Número de lóculos por fruto	2.00 – 4.00	2.40	0.55	22.98
Rendimiento por planta (g/planta)	1218.94 – 4408.75	3494.93	687.70	19.68
Frutos totales por planta	32.00 – 245	54.56	44.92	82.34
Peso promedio de fruto (g/fruto)	10.22 – 129.90	77.49	23.88	30.82

\* Promedio para descriptores continuos y moda en caso de descriptores discretos.

Al analizar la tabla de valores propios de la matriz de correlaciones se seleccionaron los dos primeros componentes principales, pues estos fueron los únicos que presentaron un valor propio o varianza mayor a 1.0. Además, ambos componentes explicaron el 91.49% de la variación total (Tabla 2). El primer componente principal sintetizó la máxima variabilidad de los datos originales (72.58%), y el segundo la máxima variabilidad residual (18.91%).

Al realizar la partición en el dendrograma (Figura 1) se conformaron tres grupos (Tabla 3).

El grupo 1 quedó conformado sólo por las accesiones 32 y 33, que corresponden a la especie *L.*

*esculentum* variedad *cerasiforme*. El resultado se esperaba por cuanto esta forma ancestral del tomate cultivado presentó valores particulares para las variables cuantitativas. Lo anterior está sustentado porque el tomate cultivado, al haber surgido a partir de la variedad *cerasiforme*, ha sido sometido a un proceso intenso de domesticación, y por consiguiente se espera que algunos de sus caracteres cuantitativos hayan sido modificados en sus medidas en forma considerable.

El grupo 2 quedó conformado por las accesiones de tomate tipo chonto provenientes del Cauca, Valle del Cauca, Quindío, Caldas, Risaralda, Huila y Antioquia. Algunas de estas accesiones provienen de

cruzamientos naturales entre tomates tipo chonto conocidos en el pasado como Miguel Pereira y Rey Humberto (introducidos de Brasil), con tomates pluriloculares conocidos como Manapal y Manalucie, y alguna selección posterior hecha por los agricultores.<sup>1</sup>

Otras accesiones del grupo 2 corresponden a tomates Santa Cruz introducidos de Brasil, los cuales, a su vez, provienen probablemente de un cruce natural entre Rey Humberto y Redondo Japonés (o

Tabla 2. Valores propios, variación absoluta y acumulada de los componentes principales que sintetizan los descriptores cuantitativos utilizados en la evaluación de la colección de tomates tipo chonto.

Componentes Principales	Valor propio	Variación absoluta (%)	Variación acumulada (%)
1	4.35496295	72.58	72.58
2	1.13460730	18.91	91.49
3	0.22843256	3.81	95.30
4	0.12883784	2.15	97.45
5	0.09433316	1.57	99.02
6	0.05882619	0.98	100.0

Figura 1. Dendrograma obtenido con los descriptores cuantitativos utilizados en la evaluación de la colección de tomates tipo “chonto”.

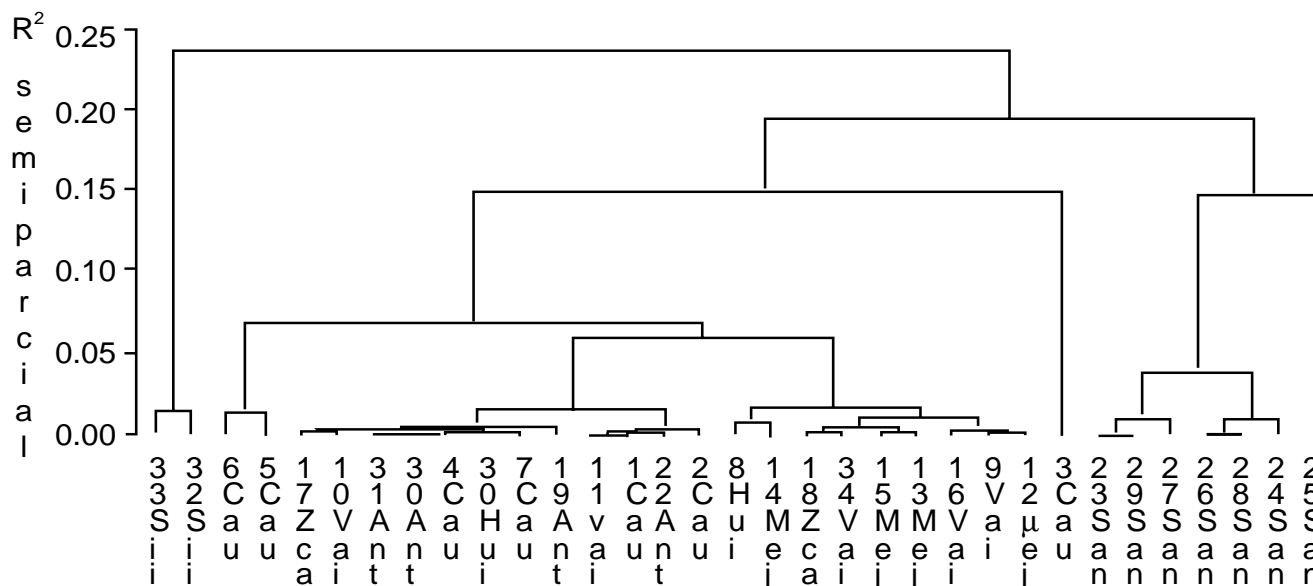


Tabla 3. Grupos obtenidos a partir de los descriptores cuantitativos (con h<sup>2</sup> > 50%), utilizados en la evaluación de la colección de tomates tipo “chonto”.

Grupos	Accesiones	Tipo de tomate	Procedencia
1	32 y 33	Var. <i>cerasiforme</i>	Valle y Cauca
2	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11, 12, 13, 14, 15, 16, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 30 y 34.	Chontos Chonto var. Santa Clara Santa Cruz	Cauca, Valle, Huila, Z. Cafetera, Antioquia Cundinamarca
3	23, 24, 25, 26, 27, 28 y 29.	Chonto var. Río Grande	Santanderes

“chacareiro”), ocurrido en el condado Suzano (estado de Sao Paulo) (Nagai *et al.*, 1992). Como se puede inferir, los tomates chontos colombianos y los introducidos de Brasil (conocidos como Santa Cruz) tuvieron

ambos al tomate Rey Humberto como progenitor común. Esta procedencia similar puede ser la causa de que hayan conformado un grupo particular al realizar el análisis de clasificación. Por otro lado, las accesiones de tomate tipo chonto variedad Santa Clara, clasificadas en este grupo 2, corresponden a tomates mejorados e introducidos de Brasil y provienen de cruzamientos entre el cultivar Angela y el híbrido F1 Duke (Nagai, 1985).

El cultivar Angela se produjo del cruce entre tomates Santa Cruz y el PI 126410 y se liberó durante los años setenta por el Instituto Agronómico de Campinas (Brasil). La procedencia de los tomates Santa Clara a partir de tomates Santa Cruz puede ser la causa de que hayan clasificado en el mismo grupo 2.

Igualmente en el grupo 2 quedaron incluidas las líneas de tomate chonto números 2, 5, 6 y 7, obtenidas por el Grupo de Investigación “Mejoramiento genético y producción de semillas de hortalizas” de la Universidad Nacional Sede Palmira. Estas líneas provienen de

1. Comunicación personal doctor Franco A. Vallejo.



El grupo 2 quedó conformado por las líneas mejoradas (2, 5, 6 y 7) obtenidas por el Grupo de Investigación Mejoramiento genético y producción de semillas de hortalizas de la Universidad Nacional Sede Palmira. También quedó conformado por las accesiones 16 y 9, que corresponden a la variedad Santa Clara. Este grupo era de esperarse, por cuanto todas sus accesiones han sido sometidas a un proceso de mejoramiento genético riguroso, el cual ha incluido, entre otros, los siguientes caracteres: hombros verdes y formato de fruto (dos de los tres caracteres seleccionados), y por consiguiente presentan diferencias importantes con respecto a otros tomates tipo chonto.

**Tabla 4. Grupos obtenidos a partir de los descriptores cualitativos utilizados en la caracterización de la colección de tomates tipo chonto.**

Grupos	Accesiones	Tipo de tomate	Procedencia
1	1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 17, 18, 19, 20, 21, 22, 30 y 34.	Chontos y <i>L. esculentum</i> Var. <i>cerasiforme</i>	Cauca, Valle, Huila, Z. Cafetera, Antioquia Cundinamarca
2	9, 12, 13, 14, 15 y 16.	Chontos var. Santa Clara y líneas Mejoradas de chonto	Valle
3	23, 24, 25, 26, 27, 28 y 29.	Chonto var. Río Grande	Santanderes

El grupo 3 quedó conformado por las accesiones provenientes del departamento de Santander.

De los resultados obtenidos al realizar el análisis de clasificación con los descriptores cualitativos se puede inferir que es la procedencia diversa de las accesiones de tomate tipo chonto que conformaron los diferentes grupos y el mejoramiento genético riguroso realizado exclusivamente en las accesiones del grupo 2, las causas probables de que dichas accesiones queden clasificadas en grupos diferentes bien definidos. Las características de los grupos se consignan en la [Tabla 5](#).

**Tabla 5. Características de las accesiones de tomate tipo chonto de cada uno de los grupos conformados.**

Grupos	Hombros verdes	Formatos de frutos	Forma de pistilo Corte
1	Presentes	redondo típico chonto elipsoide acorazonado	Lineal
2	Ausentes	típico chonto	Estrella
3	Ausentes	elipsoide cilíndrico piriforme	Punta

### Caracterización molecular

Para la obtención de ADN de buena calidad fue necesario modificar el protocolo original de Fulton *et al.* (1995). Las modificaciones fueron: 1. Las etapas a) y c) del protocolo se reunieron en una sola. 2. Se debe usar un tiempo de incubación de 30 minutos, y 3. El buffer “*microprep*” debe ser incubado previamente a una temperatura de 65°C.

En la [Tabla 6](#) están consignadas las concentraciones y los volúmenes estandarizados de los diferentes reactivos empleados para la amplificación de los microsátélites vía PCR.

**Tabla 6. Condiciones finales de concentración y volumen de los componentes de la reacción de PCR, para la amplificación de microsátélites en la colección de tomates tipo chonto colombianos.**

Reactivos	Concentración final	Volumen (µl)
AND	2 ng/µl	5.0
Buffer de PCR	1 X	2.5
Magnesio	2.0 mM	2.0
DNTPs	0.2 mM	0.5
Taq polimerasa	1:1	0.1
“Cebador <i>forward</i> ”	0.3 µM	0.75
“Cebador <i>reverse</i> ”	0.3 µM	0.75
Agua	- - -	13.40
Volumen total	- - -	25.00 µl

Con respecto a la estandarización del programa de PCR utilizado en la amplificación de los microsátélites, quedó establecido el programa básico detallado en la [Tabla 7](#). Se usó el termociclador de referencia PTC-100 (MJ Research Inc).

**Tabla 7. Programa de PCR utilizado en la amplificación de los microsátélites, utilizados en la caracterización molecular de la colección de tomates tipo chonto colombianos.**

Pasos	Temperatura (° C)	Tiempo
1 (denaturación)	94	4 minutos
2 (denaturación)	94	30 segundos
3 (“annealing”)	46, 48 y 50	30 segundos
4 (amplificación)	72	1 minuto
5 (ir a paso 2)	-	34 ciclos
6 (amplificación)	72	5 minutos
7 (conservación)	4	Infinito
Total ciclo		2 horas y 20 minutos

De los nueve microsátélites se lograron estandarizar condiciones de amplificación para seis de ellos. No se pudieron identificar las temperaturas de “*annealing*” para los juegos de cebadores que permiten la amplificación de los microsátélites: LEEF1Aa, LESSF y LESSRPSGb. Las temperaturas de “*annealing*” que se requirieron para los juegos de cebadores de los seis microsátélites amplificados fueron casi en su totalidad diferentes de las establecidas para los mismos juegos de cebadores usados en cultivares europeos.

Las condiciones estandarizadas para la amplificación de los microsatélites en cultivares de tomate tipo chonto colombianos son diferentes de las que se usan para la amplificación de los mismos microsatélites en cultivares de tomate europeos (Smulders *et al.*, 1997; Álvarez *et al.*, 2001; Rus-Kortekaas, 1994; Broun y Tanksley, 1996; Arens *et al.*, 1995; Bredemeijer, 1998).

De los seis loci de microsatélites amplificados en la colección de tomate, tres presentaron alelos polimórficos. Los loci de microsatélites que resultaron monomórficos en la colección fueron: LELE25, LELEUZIP Y LEWIPIG. Estos loci fueron polimórficos en cultivares de tomate europeos (Smulders *et al.*, 1997; Álvarez *et al.*, 2001; Rus-Kortekaas, 1993; Broun y Tanksley, 1996; Arens *et al.*, 1995; Bredemeijer, 1998).

Los loci que presentaron alelos polimórficos en la colección fueron: LEMDDNa, LE20592 Y LE21085. Estos fueron amplificados en 27 de las 31 accesiones evaluadas, presentando siete alelos en los tres microsatélites. El número de alelos por locus fue variable, presentándose tres variantes alélicas para el locus LE20592, y dos variantes para cada uno de los loci LEMDDNa y LE21085 (Tabla 8).

En la [Tabla 8](#) se resumen las frecuencias alélicas obtenidas en los diferentes loci polimórficos. En todos los loci se presentaron desde alelos poco frecuentes hasta alelos muy frecuentes.

**Tabla 8. Frecuencias alélicas en los loci amplificados en la recolección de tomates tipo chonto.**

Alelo	Frecuencias alélicas en los loci		
	LE20592	LE21085	LEMDDNa
1	0.111	0.070	0.222
2	0.518	0.930	0.778
3	0.370	- - - -	- - - -
<b>Total</b>	1.000	1.000	1.000

Debido a que sólo se obtuvieron siete alelos polimórficos no fue posible obtener el índice de diver-

sidad genética para la colección evaluada de tomates tipo chonto, y por consiguiente se sugiere hacer un estudio posterior donde se incluya un mayor número de microsatélites polimórficos y mayor cantidad de accesiones. De esta manera se podría calcular el índice de diversidad genética de los tomates tipo chonto de las zonas productoras de Colombia.

## BIBLIOGRAFÍA

- Arens, P. Gata and Gaca-repeats are not evenly distributed throughout the tomato genome. In: *Genome*. Vol. 38 (1995); p. 84-90.
- Álvarez, A. E.; Van de Wiel, C.C. and Smulders M. J. Use of microsatellites to evaluate genetic diversity and species relationships in the genus *Lycopersicon*. In: *Theor Appl Gen.* (2001).
- Bredemeijer, G. M. The use of semi-automated fluorescent microsatellite analysis for tomato cultivar identification. In: *Theor Appl Gen.* Vol. 97 (1998); p. 584-590.
- Broun, P.; Tanksley, S. D. Characterization and genetic mapping of simple repeat sequences in the tomato genome. In: *Mol Gen Genetics*. Vol. 250 (1996); p. 39-49.
- Crisci, J. V.; López, M. F. Introducción a la teoría y práctica de la taxonomía numérica: Serie de biología, Monografía No. 26. Washington: OEA, 1983. 132 p.
- Fulton, T.; Chunwongse, J. and Tanksley, S. Micropep protocol for extraction of DNA from tomato and other herbaceous plants. In: *Plant Mol Biol*. Vol. 13 (1995); p. 207-209.
- Instituto Colombiano Agropecuario. Informes de los resultados en las investigaciones más relevantes de la sección de hortalizas en los últimos cinco años. Bogotá; 1994. 32 p.
- Nagai, H.; Lourencao, L. A. and Siqueira, W. J. Tomato breeding for resistance to diseases and pests in Brasil. In: *Acta Hort*. Vol. 301 (1992); p. 91-97.
- Nagai, H. Santa Clara I-5.300, novo cultivar de tomate para mesa. In: *Hort Bras*. Vol. 3, No. 82 (1985).
- Rus-Kortekaas, W. Direct comparison of levels of genetic variation in tomato detected by a Gaca-containing microsatellite probe and by random amplified polymorphic DNA. In: *Genome*. Vol. 37 (1994); p. 375-381.
- Smulders, M. J. M.; Bredemeijer, G. and Rus-Kortekaas, W. Use of short microsatellites from database sequences to generate polymorphisms among *Lycopersicon esculentum* cultivars and accessions of other *Lycopersicon* species. In: *Theor Appl Gen.* Vol. 97 (1997); p. 264-272.
- Sneath, P. H.; Sokal, R. R. Numerical Taxonomy. San Francisco: W. H. Freeman and Company, 1973. 573 p.
- Vallejo, Franco A. Mejoramiento genético y producción de tomate en Colombia. Palmira: Universidad Nacional. 1999. 216 p.