

## DIFERENCIACIÓN DE DOS LÍNEAS DE TOMATE Y SU HÍBRIDO CON MARCADORES MOLECULARES

### DIFFERENTIATION OF TWO TOMATO LINES AND THEIR HYBRID WITH MOLECULAR MARKERS

Carlos Sánchez-Abarca<sup>1\*</sup>, Ernestina Valadez-Moctezuma<sup>2</sup>, Aquiles Carballo Carballo<sup>1</sup>  
y Fernando Castillo Gonzalez<sup>1</sup>

<sup>1\*</sup> Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados. Km 36.5 Carr. México- Texcoco. C.P. 56230, Montecillo, Texcoco, Edo. de México. Correo electrónico: saac69@hotmail.com <sup>2</sup> Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo. Km. 38.5 Carr. México- Texcoco. C.P. 56230. Chapingo, Edo. de México. Tel y Fax: 01-595-952-1642.

\* Autor responsable

---

#### RESUMEN

El presente trabajo se realizó en el Laboratorio de Biología Molecular, de la Universidad Autónoma Chapingo, durante el año de 1996, con el propósito de establecer diferencias y similitudes genómicas de dos líneas de *Lycopersicon esculentum* Mill. (13-Nar de hábito indeterminado y THE-309 de hábito determinado) y el híbrido resultante de la cruce de ambas, mediante la técnica RAPD. Un total de 101 bandas de ADN que se obtuvieron con seis iniciadores aleatorios de la serie G de Operon, fueron analizadas en el programa NTSYS pc2, con el coeficiente de similaridad genética de agrupamiento simple. El dendrograma respectivo se realizó con el método de agrupamiento UPGMA. Las huellas de ADN generadas con los RAPDs permitieron diferenciar claramente entre y dentro de las poblaciones analizadas.

**Palabras clave:** *L. esculentum* Mill., descripción varietal, RAPDs, PCR.

#### SUMMARY

This work was done at the Molecular Biology Laboratory of the Universidad Autónoma Chapingo, during 1996. The main objective was to find genomic similarities and differences among two lines of *Lycopersicon esculentum* Mill. (13-Nar indetermined habit, and THE-309 determined habit), and their hybrid, by means of RAPDs markers. A total of 101 DNA bands were obtained with six random primers of the G Operon kit. These bands were analyzed with the pc2 NTSYS program, using the genetic similarities simple group coefficient. The dendogram was done with the UPGMA cluster method. The DNA fingerprints allowed a clear differentiation among and within genotypes.

**Index words:** *L. esculentum*, varietal description, RAPDs, PCR.