

# UNIVERSIDAD AUTÓNOMA DE GUERRERO FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS Y

# **AMBIENTALES**



# MAESTRÍA EN CIENCIAS AGROPECUARIAS Y GESTIÓN LOCAL

# BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO EN GENOTIPOS DE JITOMATE CRIOLLO

TESIS

# PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL TÍTULO DE

# MAESTRO EN CIENCIAS AGROPECUARIAS Y GESTIÓN LOCAL

## **PRESENTA**

# NANCY LIZBETH HERNÁNDEZ VALLADARES

**DIRECTOR DE TESIS** 

DR. FRANCISCO PALEMÓN ALBERTO

IGUALA DE LA INDEPENDENCIA, GUERRERO, MÉXICO. DICIEMBRE DE 2020. El presente trabajo de investigación titulado: BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO EN GENOTIPOS DE JITOMATE CRIOLLO, realizado por la alumna: NANCY LIZBETH HERNÁNDEZ VALLADARES, forma parte del proyecto de investigación: "CONSERVACIÓN, CARACTERIZACIÓN Y SELECCIÓN DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE TOMATE NATIVOS DE MÉXICO", que fue aprobado por un comité Evaluador de la Dirección de investigación de la UAGro, para financiamiento según convocatoria de junio de 2013. El presente proyecto forma parte de la Línea de Generación y Aplicación del Conocimiento: Alimentos y Productos Naturales, del Cuerpo Académico: Producción Integral de Alimentos con clave: UAGro-CA-166. La dirección de la investigación fue supervisada y aprobada por el comité tutoral para obtener el título de MAESTRO EN CIENCIAS AGROPECUARIAS Y GESTIÓN LOCAL.

DIRECTOR DE TES	IS:	
		DR. FRANCISCO PALEMÓN ALBERTO
CO-DIRECTOR	DE	
TESIS:		DR. AGUSTÍN DAMIÁN NAVA
ASESOR:		Service.
110250IV		DR. BLAS CRUZ LAGUNAS
ASESOR:		Matinidad Herrera C.
		DRA NATIVIDAD D HERRERA CASTRO

IGUALA DE LA INDEPENDENCIA, GUERRERO., MÉXICO. DICIEMBRE DE 2020.

## **DEDICATORIAS**

Principalmente a **DIOS** por permitirme llegar a la culminación de otra meta propuesta que se tenía, por guiarme y darme sabiduría en todo momento.

A mis **Padres** porque son el motor para seguir adelante, por su Amor, confianza y apoyo incondicional en este trabajo de investigación porque de alguna u otra forma aportaron su tiempo, paciencia y por esos buenos consejos que están a diario porque quieren lo mejor para mí.

A mi **Hermana** por su comprensión y cariño brindado siempre presente.

A mi **Familia Hernández Mendoza y Valladares Salgado** por su comprensión, cariño y sus buenos consejos que siempre me han brindado hacia mi persona, y sé que quieren algo bueno para mí, Dios los Bendiga siempre.

A **mis compañeros y amigos** que siempre estuvieron presentes motivándome para salir adelante, por su grandiosa amistad Dios los cuide siempre y a mí que no me deje.

## **AGRADECIMIENTOS**

A la Maestría de Ciencias Agropecuarias y Gestión Local por haberme permitido desarrollarme y adquirir conocimientos durante mi formación académica.

Al **CONACYT** por otorgarme una beca para desarrollar el presente trabajo de investigación.

Al **Dr. Francisco Palemón Alberto** por aceptar la dirección de este trabajo de investigación que se llevó a cabo, por su paciencia, motivación, su orientación cuando surgía una duda y por ese gran apoyo y amistad brindado incondicionalmente hacia mi persona.

Al **Dr. Agustín Damián Nava** por su amistad, sus buenos consejos y por su colaboración para seguir adelante con el trabajo de investigación.

Al **Dr. Blas Cruz Lagunas** por su gran apoyo incondicional, sus conocimientos compartidos y su motivación para culminar este trabajo de investigación también agradezco la gran amistad brindada.

A la **Dra. Natividad Herrera Castro** por su colaboración para la revisión de este trabajo de investigación realizado.

Al **Dr. Santo Ángel Ortega Acosta** por su gran apoyo y tiempo para la revisión de este trabajo, por sus buenos consejos alentadores para seguir adelante y por su gran amistad brindada dentro y fuera del aula.

A la **M. C. Guadalupe Reyes García** por su gran amistad brindada y ese gran apoyo que siempre está presente.

Al M. C. Adrián Livera Hernández por todo el apoyo, orientación, paciencia, dedicación y confianza que me brindó durante mi estancia en el laboratorio de análisis de semillas del Colegio de Postgraduados siempre estaré agradecida.

Laboratorista **Rodolfo Nabor de la Cruz Espinosa** el por gran apoyo y amistad brindado en el laboratorio de análisis de semillas del Colegio de Posgraduados.

# **CONTENIDO**

Capitulo		Pág.
	ÍNDICE DE CUADROS DE TEXTO	viii
I	INTRODUCCIÓN GENERAL	1
	Bibliografía	2
II	OBJETIVOS E HIPÓTESIS	4
	Objetivo	4
	Hipótesis	4
III	INOCULACIÓN DE BACTERIAS PROMOTORAS DE	
	CRECIMIENTO VEGETAL Y SU EFECTO EN GENOTIPOS DE	
	JITOMATE CRIOLLO	5
	Resumen	5
	Abstract	5
	Introducción	7
	Materiales y Métodos	9
	Resultados y discusión	11
	Conclusiones	16
	Bibliografía	16
IV	BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO VEGETAL Y SU	
	INTERACCIÓN CON LOS GENOTIPOS DE JITOMATE	
	CRIOLLO	25
	Resumen	25

	Materiales y métodos	29
	Resultados y discusión	33
	Conclusiones	73
	Literatura citada	74
Cuadro	ÍNDICE DE CUADROS DE TEXTO	Pág.
1	Cuadrados medios de 13 variables, efecto de los tratamientos, respuesta de	
	los genotipos de jitomate criollo y su interacción	24
2	Comparación de medias de seis variables medidos en 19 genotipos de	
	jitomate criollo.	25
3	Comparación de medias de siete variables medidos en 19 genotipos de	
	jitomate criollo.	26
4	Cuadrados medios de 13 variables medidas en 19 genotipos de jitomate	
	criollo evaluados en cinco medios de cultivo. Periodo julio a diciembre de	
	2018. Tuxpan, Gro.	34
5	Comparación de medias de seis variables medidos en 19 genotipos de	
	jitomate criollo. Periodo julio a diciembre de 2018. Tuxpan, Gro	36
6	Comparación de medias de siete variables medidos en 7 genotipos de	
	jitomate criollo. Periodo julio a diciembre de 2018. Tuxpan, Gro	37

7	Comparación de medias de la interacción tratamiento por genotipo, valorado								
	en siete variables medidas en 19 genotipos de jitomate. Periodo julio-								
	diciembre 2018, Tuxnan, Gro	42							

# I. INTRODUCCIÓN GENERAL

La distribución de los parientes silvestres del tomate cultivado se encuentra en Ecuador, Perú, Chile y las Islas Galápagos (Peralta y Spooner, 2007) y a México se le considera como centro de domesticación (Peralta y Spooner, 2007; Rick y Holle, 1990). Las ventajas que se tienen con estas especies silvestres, es su amplia adaptación a diversos ambientes; aunque también el género *Solanum* muestra variación en intensidad de color, forma y tamaño de fruto, así como hábitos de crecimiento y morfología de la hoja (Grandilio *et al.* 1996; VanDer-Knaap *et al.* 2002; Holtan y Hake 2003). El probable ancestro del tomate cultivado es *Solanum lycopersicum* L. var. *cerasiforme* (Esquinas-Alcázar y Nuez, 1995). En México, el tomate nativo se encuentra ampliamente distribuido en zonas de reserva ecológica, asociado a campos de cultivos donde eventualmente suele convertirse en maleza (Sánchez *et al.*, 2006).

El incremento de la población mundial ha aumentado y esto hace que exista una mayor demanda de alimentos, fertilizantes químicos, y contaminación al medio ambiente, por ello es importante realizar estudios sobre bacterias promotoras de crecimiento vegetal para reducir la contaminación ambiental y mejorar las características fisicoquímicas del suelo.

Los microorganismos promotores del crecimiento vegetal desempeñan un papel clave en la toma de nutrientes, tolerancia a estrés ambiental, mantenimiento de la salud radicular, favoreciendo así el aumento del rendimiento de los cultivos (Matiru 2004).

El género *Klebsiella* incluye bacterias no móviles de aspecto mucoide, usualmente presentan cápsulas, son oxidasas negativas, productoras de β-lactamasas, lisina, no descarboxilan la ornitina y fermentan la glucosa y lactosa (Koneman *et al.* 2008).

# Bibliografía

Esquinas-Alcázar, J. T. y Nuez, V. F. 1995. Situación taxonómica, domesticación y difusión del tomate. El Cultivo del tomate. Mundi Prensa. Madrid, España. p. 16-19.

Grandilio S, K. Hsin Mei y S. D. Tanksley. 1996. Characterization of a major QTL influencing fruit shape in tomato. Molecular Breeding 2: 251-260. https://doi.org/10.1007/BF00564202

Holtan E. E. H. and S. Hake. 2003. Quantitative trait locus analysis of leaf dissection in Tomato using *Lycopersicon pennellii* segmental introgression lines. Genetics 165:1541-1550. <a href="https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf">https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf</a>

Koneman E. W., M. J. Willian, P. C. Schreckenberger, W. C. Winn y S. D. Allen, G. L. Woods. 2008. Diagnóstico Microbiológico Texto y Atlas en Color, Buenos Aires, Argentina 250-253 p. http://www.fundacionio.org/books/books/microbiologia\_koneman.html

Matiru, V. N. y Dakora, F. 2004. Potential use of rhizobial bacteria as promoters of plant growth for increased yield in landraces of African cereal crops. African Journal of Biotechnology, 3:7-16. Kloepper, J. W. 1993. Plant growth promoting rhizobacteria as biological control agents. Soil Microbial Ecology: Applications in Agricultural and Environmental Management. F. B. Metting. Peralta I. E. and Spooner D. M. 2000. Classification of wild tomatoes: a review. 28 45:54. <a href="https://vcru.wisc.edu/spoonerlab/pdf/Classification%20of%20wild%20tomatoes%20a%20review.pdf">https://vcru.wisc.edu/spoonerlab/pdf/Classification%20of%20wild%20tomatoes%20a%20review.pdf</a>

Sánchez, P. P.; Oyama, K.; Núñez, F. J.; Formoni, J.; Hernández, V. S.; Márquez, G. J.; y Garzón, T. J. 2006. Sources of resistance to white fly (*Bemisia* spp.) in wild populations of *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme* (Dunal) Spooner G. J. Anderson *et* R. K. Jansen in Northwestern México. Gen. Res. Crop Evol. 53:711–719. https://www.researchgate.net/publication/226909382\_Sources\_of\_Resistance\_to\_Whitefly\_Bemi

<u>sia spp in Wild Populations of Solanum lycopersicum var Cerasiforme Dunal Spooner GJ</u>

<u>Anderson et RK Jansen in Northwestern Mexico</u>

Van Der Knaap E, Z. Lippman y S. D. Tanksley. 2002. Extremely elongated tomato fruit controlled by four quantitative trait loci with epistatic interactions. Theoretical and Applied Genetics 104:241-247. https://doi.org/10.1007/s00122-001-0776-1

# II. OBJETIVO E HIPÓTESIS

# Objetivo

Evaluar el efecto de la inoculación de cepas de *Klebsiella* spp., en características agronómicas de genotipos de jitomate criollo.

# Hipótesis

Las inoculaciones de las cepas bacterianas no afectarán las características agronómicas de las plantas de jitomate criollo.

III. INOCULACIÓN DE BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO VEGETAL

Y SU EFECTO EN GENOTIPOS DE JITOMATE CRIOLLO

RESUMEN

La especie Solanum lycopersicum L. muestra variación en intensidad de color, forma y tamaño de

fruto, hábitos de crecimiento, por lo que es importante identificar variedades sobresalientes en

características agronómicas y someterlos a un proceso de mejoramiento genético. El objetivo del

estudio fue evaluar, el efecto de la inoculación con Klebsiella variicola, Klebsiella

quasipneumoniae y Klebsiella pneumoniae, en plantas de 19 genotipos de jitomate criollo. En el

municipio de Iguala, Guerrero, se estableció un experimento en un diseño de bloques completos al

azar con 5 tratamientos y 5 repeticiones. Las variables fueron: días a floración, peso fresco de fruto,

longitud de raíz, peso fresco de raíz, volumen de raíz, peso seco de raíz y número de semillas. El

análisis de varianza mostró diferencias significativas en las fuentes de variación: tratamientos,

genotipos y la interacción tratamientos por genotipos. Los resultados indicaron que la aplicación

de bacterias promotoras de crecimiento vegetal a las plantas de diversos genotipos de jitomate,

modificaron la respuesta en el sistema radicular, características agronómicas y componentes de

rendimiento de fruto. Es importante aplicar cepas bacterianas para producir frutos de calidad física

y seleccionar genotipos prospectos que expresaron su potencial al interaccionar positivamente con

las bacterias promotoras de crecimiento vegetal.

**Palabras clave:** Solanum lycopersicum, Klebsiella neumoniae, K. quasineumoniae y K. variicola.

**SUMMARY** 

The genus Solanum lycopersicum L. shows the variation in the intensity of color, shape, and size

of the fruit, growth habits, so it is important to identify outstanding varieties in agronomic

characteristics and subject them to a genetic improvement process. The objective of the study was

5

Klebsiella pneumoniae, in plants of 19 genotypes of Creole tomato. In the municipality of Iguala, Guerrero, an experiment was established in a randomized complete block design with 5 treatments and 5 repetitions. The variables were: days to flowering, fresh fruit weight, root length, fresh root weight, root volume, dry root weight, and a number of seeds. The analysis of variance showed significant differences in the sources of variation: treatments, genotypes, and the interaction treatments by genotypes. The results indicated that the application of plant growth promoter bacteria to plants of various tomato genotypes modified the response in the root system, agronomic

to evaluate the effect of inoculation with Klebsiella variicola, Klebsiella quasipneumoniae, and

characteristics, and fruit yield components. It is important to apply bacterial strains to produce

fruits of physical quality and to select prospective genotypes that expressed their potential by

positively interacting with plant growth-promoting bacteria.

**Index words:** Solanum lycopersicum L., Klebsiella neumoniae, K. quasineumoniae y K. variicola.

6

## Introducción

El centro de origen del jitomate (Solanum lycopersicum L.) es la región andina que comparten Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia y Chile, donde crecen diversas especies criollas de este género (Esquinas Alcazar y Nuez Vinals 2001; Rodríguez et al. 2001). La amplia distribución del jitomate criollo permite disponer de poblaciones con características agronómicas para enfrentar a los factores bióticos y abióticos adversos del ambiente. El género Solanum muestra variación en intensidad de color, forma y tamaño de fruto, así como hábitos de crecimiento y morfología de la hoja (Grandilio et al. 1996; VanDer-Knaap et al. 2002; Holtan y Hake 2003). Vallejo Cabrera et al. (1994) mencionan que, en general, las formas silvestres de jitomate presentan un mayor número de flores por racimo, carácter que podría relacionarse con la productividad potencial. Se han realizado estudios sobre bacterias promotoras de crecimiento vegetal asociadas en gramíneas, para incrementar, estimular, movilizar, solubilizar y transformar los nutrientes en los suelos (Loredo-Osti et al., 1998). Existen diversos géneros bacterianos como: Azospirillum, Azotobacter, Bacillus, Beijerinckia, Burkholderia. Enterobacter. Erwinia. Flavobacterium, Microbacterium, Pseudomonas, Rhizobium y Serratia que se consideran como bacterias solubilizadoras de fosfato (Mehnaz y Lazarovits, 2006). Bacterias promotoras de crecimiento vegetal como, Basillus subtilis (Qiao et al. 2017) y Rhizobium (Santillana et al. 2005) que se aplicaron en jitomate; en arroz, se probaron los géneros Azospirillum, Herbaspirillum, Burkholderia, Azotobacter y Basillus (Radwan et al. 2004; Elbeltagy et al. 2001; en Salicornia bigelovii se inoculó Azospirillum halopraeferens, Klebsiella pneuomoniae (Rueda-Puente et al. 2009); en lechuga se inoculó Hafnia alvei P-3, Pseudomonas aeruginosa, Azospirillum, Enterobacter cloacae, Klebsiella pneumoniae (Díaz-Vargas et al. 2001); Bacillus subtilis y Klebsiella variicola la aplicaron para mejorar el crecimiento de Capsicum baccatum var. pendulum (Rodríguez-Anticona 2019). El género Klebsiella incluye bacterias no móviles de aspecto mucoide, usualmente presentan cápsulas, son oxidasas negativas, productoras de β-lactamasas, lisina, no descarboxilan la ornitina y fermentan glucosa y lactosa (Koneman *et al.*, 2008). *Klebsiella quasipneumoniae*, es un patógeno humano y animal que está ampliamente distribuida en el medio ambiente (Brisse y Grimont 2006). *Klebsiella variicola* es una bacteria que fue identificada por Holt *et al.* (2015) en humanos y se ha estudiado en cultivos de importancia agrícola, donde se ha observado como fijadora de nitrógeno; ésta se clasifica en el grupo de las rizobacterias, bacterias capaces de producir fitohormonas que influyen benéficamente en el crecimiento de plantas (Carcaño-Montiel *et al.* 2006). Dado el interés en reducir el uso de productos agroquímicos y favorecer la agricultura orgánica, las bacterias promotoras del crecimiento vegetal constituyen una alternativa al uso de fertilizantes y ampliar el espectro de suelos favorables al cultivo. El objetivo del presente estudio fue evaluar, el efecto de la inoculación de *Klebsiella* spp., en características agronómicas de genotipos de jitomate criollo.

# Materiales y métodos

# Localización del experimento

El presente estudio se desarrolló en condiciones de bioespacio en el Campus Tuxpan de la Universidad Autónoma de Guerrero, en Iguala, Guerrero, (18° 20' 45", 99° 29' 40", altitud de 735 msnm) cuyo clima es el más seco de los cálidos subhúmedos, lluvias en verano distribuidas de junio a octubre, precipitación media anual de 978 mm y temperatura media anual de 25.7 °C (García, 2004).

# Material genético

Se utilizaron 19 genotipos de jitomate criollo, frutos de tamaño grande, provenientes de los estados de Puebla, Guerrero, Oaxaca y Yucatán.

# Diseño experimental

Se usó un diseño experimental de bloques completos al azar con arreglo factorial con cinco tratamientos y cinco repeticiones, la unidad experimental fue una planta. Se evaluaron 19 genotipos de jitomate, se aplicaron 10 mL en tres ocasiones con los siguientes tratamientos: *Klebsiella variicola* (PB06), *Klebsiella quasipneumoniae* (HPA 4-3), *Klebsiella pneumoniae* (PB02), solución nutritiva y testigo (agua).

# Establecimiento del experimento

Para germinar las semillas de jitomate se usaron vasos de unicel con capacidad de 1 L, y con tres orificios en la base, con la finalidad de tener buen drenaje de agua, posteriormente se les agregó composta y agua para humedecerla. Se sembraron tres semillas por vaso a una profundidad de 1 cm, y se aplicó riego ligero a cada vaso después de la siembra.

## Conducción del experimento

El riego se aplicó cada tercer día a las plántulas de jitomate hasta el trasplante. Las malezas se eliminaron en forma manual. Se llenaron bolsas de polietileno con capacidad de 6 kg de sustrato (composta), mismas que se les aplicó riego antes de realizar el trasplante. El trasplante se realizó el día 25 de julio del 2018, y se aplicó un riego ligero; en la etapa fenológica de pre-floración se vertió 1L, en floración 2L y en fructificación 3L de agua a cada planta. Se inocularon tres veces las plantas con bacterias promotoras de crecimiento de raíz cada 15 días después del trasplante, 10 ml de solución a cada planta. Para el tutoreo de las plantas de jitomate se utilizó alambre de calibre 12 y rafia color negro. En el experimento se detectó el gusano del fruto *Agriotes* spp. y para su control se aplicó 50 ml de insecticida Palgus® (Spinetoram). En cada planta se hicieron ocho cortes de frutos con madurez fisiológica, mismas que se llevaron al laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal para cuantificar sus características. Al término de la producción de frutos las plantas fueron separadas de las macetas, con la finalidad de determinar la materia seca de las hojas, tallo y raíz.

#### Variables de estudio

En el experimento de jitomate, se cuantificaron las siguientes variables: días a floración (DAF), peso de fruto (PDF), número de lóculos (NL), número de semillas (NS), peso fresco de hoja (PFH), longitud de raíz (LR), longitud de tallo (LT), peso fresco de tallo (PFT), peso fresco de raíz (PFR), volumen de raíz (VR). Las muestras de hoja, tallo y raíz se colocaron en un horno de secado marca NOVATECH® para su deshidratación durante 72 hrs a 62°C, posteriormente se tomó lectura de las muestras de las siguientes variables: peso seco de hoja (PSH), peso seco de tallo (PST) y peso seco de raíz (PSR).

# Análisis estadístico

Los datos se sometieron a análisis de varianza y la comparación de medias se efectuó mediante la prueba de tukey  $\alpha = 0.05$ , para dicho análisis se utilizó el programa estadístico *Statistical Analysis Sistem* (SAS) Versión **9.0.** 

# Resultados v Discusión

#### Análisis de varianza

Los resultados del análisis de varianza para las 13 variables medidas en 19 genotipos de jitomate criollo se presentan en el Cuadro 1. En la fuente de variación tratamientos, se observó significancia estadística (p≤0.05) en días a floración (DAF), peso fresco de tallo (PFT), peso seco de hoja (PSH), mientras que en peso de fruto (PDF) y longitud de raíz (LR), se observó diferencia altamente significativa (p≤0.01). Aunado a lo anterior las variables como: número de lóculos (NL), peso fresco de hoja (PFH), longitud de tallo (LT), peso fresco de raíz (PFR), volumen de raíz (VR), peso seco de tallo (PST), peso seco de raíz (PSR) y número de semillas (NS) no mostraron variación, por lo que los resultados indican que los medios de cultivo no afectaron en las variables repuesta anteriormente mencionados. En la fuente de variación genotipo, se encontraron diferencias altamente significativas en las 13 variables bajo estudio (Cuadro 1). En la fuente de variación (DAF), peso seco de tallo (PST) y número de semillas (NS); mientras que en ocho variables hubo diferencias altamente significativas (Cuadro 1); en cambio, en número de lóculos (NL) y longitud de raíz (LR), no hubo significancia estadística.

## Comparación de medias en genotipos

Al comparar los días a floración de los genotipos de jitomate, se observó mayor valor (49 días) en 10 genotipos, mismos que florecieron el mismo día; mientras que, el genotipo P48THOAX a los 46.4 días exhibió su floración (Cuadro 2). Al contrastar los valores extremos, se registraron tres días de precocidad entre los genotipos de jitomate. Rodríguez *et al.* (2017), evaluaron 15 genotipos de tomate con resistencia a begomovirus y reportaron en promedio 42 días a la floración después del trasplante, mientras en este trabajo de investigación se obtuvieron 49 días a la floración después

del trasplante obteniendo una diferencia de 7 días a la floración, debido a que son distintos materiales.

En peso de fruto, el genotipo P49THOAX presentó mayor peso (58.60 g), y estadísticamente superó a 13 genotipos de jitomate. Las poblaciones P71VCOAX (53.10 g) y P25ZINPB (53.0 g), mostraron características semejantes en peso de fruto, mientras que para 12 genotipos sus valores promedio oscilaron de 33.60 a 48.10 g. En cambio, los genotipos P108CHIGRO (18.00 g) y P106RJ (14.90 g) exhibieron menor peso de fruto. Los resultados indican que existe variabilidad genética en el peso de fruto, debido a que los genotipos presentaron diversos tamaños, formas y color. Al contrastar con los resultados reportados por Juárez-López *et al.* (2012), coincidieron ligeramente los valores promedio en peso de fruto (35.9 g). Por lo que se deduce que las bacterias promotoras de crecimiento vegetal aplicadas en plantas de jitomate, es posible utilizarlas para la producción de productos primarios (Martínez-Blanco *et al.* 2020).

Respecto al número de lóculos, el genotipo P70VCOAX presentó mayor valor promedio (8.70 lóculos), seguido de P65VCOAX (8.40 lóculos) y P106RJ exhibió menor número (2.30 lóculos). Al contrastar los valores extremos, se detectó seis lóculos de variación entre genotipos. Álvarez-Hernández *et al.* (2009), evaluaron colectas de jitomate provenientes de Michoacán y reportaron en promedio dos lóculos por fruto; mientras en la presente investigación el promedio fue de 5.68 lóculos por fruto, lo cual se deduce que existe variación con lo reportado por Álvarez-Hernández *et al.* (2009).

En peso fresco de hoja se observó variación, el genotipo P47THOAX exhibió mayor valor (54.30 g), mientras que P70VCOAX presentó menor peso (16.40 g). Los valores promedios de los genotipos P25ZINPB, P50THOAX, P37CHIGR, P48THOAX, P108CHIGRO, fluctuaron entre 52.30 a 45.40 g, y al contrastar dichos valores observados en los genotipos de jitomate se detectó 7 g de variación en peso fresco de hoja.

En cuanto a la longitud de raíz el genotipo P23ZINPB exhibió la mayor longitud de raíz (87.10 cm) y el menor valor promedio (35.10 cm) fue observado en P75VCOAX. Al contrastar los valores extremos se detectó 52 cm de variación en longitud de raíz de ambos genotipos de jitomate. Los resultados indican que los tratamientos estimularon el crecimiento de las raíces de manera variable, lo cual se deduce en que los genotipos de jitomate presentaron mayor y menor capacidad de interaccionar con los tratamientos para desarrollar el sistema radicular. Las bacterias además de promover el crecimiento del sistema radicular de las plantas de jitomate, mismas cepas son antagónicas al manchado de hojas de jamaica, causado por *Corynespora cassicola* (Patricio-Hernández *et al.* 2020). Lara *et al.* (2013) reportaron 16 cm de longitud de raíz al aplicar *Azospirillum* en Arroz (*Oryza sativa* L.). Al contrastar el valor promedio (60.36 cm) observado en la presente investigación con lo reportado por Lara *et al.* (2013), la variación fue de 44.36 cm inferior en longitud de raíz.

El genotipo P37CHIGR exhibió en promedio mayor longitud de tallo con 197.10 cm, y estadísticamente superó a 11 genotipos, mientras que, el genotipo P13TEHPB presentó menor promedio (102.90 cm), y al contrastar ambos valores se detectó 94.2 cm de diferencia en longitud de tallo entre genotipos. Rodríguez-Díaz *et al.* (2013) evaluaron tezontle reusado en plantas de jitomate Saladet SUN 7705, y reportaron 190 cm en altura de la planta a los 71 días después del trasplante, dicho promedio fue inferior con 7.1 cm, respecto con lo observado en la presente investigación.

Respecto al peso fresco de tallo se observó que el genotipo P23ZINPB fue el que presentó mayor promedio (182.30 g) comparado con los 16 genotipos restantes, mientras que el genotipo P95VCOAX mostró menor valor 60.40 g), al contrastar ambos valores se detectó de 121.90 g de variación en peso fresco de tallo entre los genotipos (Cuadro 3). Los resultados indican que los genotipos evaluados difieren en el peso fresco del tallo, lo cual se le atribuye a que algunos

genotipos exhibieron mayor longitud y grosor de tallo. Juárez-Maldonado *et al.* (2015) determinaron el análisis de crecimiento del híbrido "Caimán" y reportaron que el peso fresco de tallo esta correlacionado positivamente con el peso fresco de hoja y la biomasa total, en la presente investigación se observaron resultados semejantes a los reportados por Juárez-Maldonado *et al.* (2015).

Respecto al peso fresco de raíz se observó que el genotipo P25ZINPB fue el que presentó mayor promedio (31.60 g) comparado con los 16 genotipos restantes, el genotipo P75VCOAX mostró menor valor (7.10 g), al contrastar ambos valores se detectaron de 24.5 g de variación en peso fresco de raíz entre los genotipos. Uribe-Lorío *et al.* (2014) aislaron el patógeno *Phytophtora capcisi* en plantas de chile *Capsicum annuum* var Natalie, reportaron 44.15 g en peso fresco de raíz, dicho promedio fue ligeramente superior con lo observado en la presente investigación (31.60 g).

En cuanto al volumen de raíz, el genotipo P13TEHPB presentó mayor valor (23.5 ml) y estadísticamente superó al resto de los genotipos; mientras que el menor promedio (5.20 ml) fue observado en P70VCOAX, al contrastar ambos promedios se detectó 18.3 ml de variación en volumen de raíz. Parra-Terraza *et al.* (2012) evaluaron concentraciones de solución nutritiva y las aplicaron en plantas de jitomate cv. Slolly F<sub>1</sub> tipo bola, y en sus resultados reportaron en promedio 0.26 ml de volumen de raíz, valor inferior con el promedio (13.1 ml) observado en la presente investigación.

El genotipo P25ZINPB exhibió mayor valor (25.90 g) y superó estadísticamente al resto de los genotipos en peso seco de hoja, mientras que el menor promedio (6.30 g) fue observado en P70VCOAX. Al contrastar los valores promedio de los genotipos se detectó 19.6 g de variación en peso seco de hoja. Parra *et al.* (2012) aplicaron HCO<sub>3</sub> (mol<sub>c</sub> m<sup>-3</sup>) en plantas de jitomate cv. Slolly

F<sub>1</sub> y reportaron en promedio 0.55 g de peso seco de hoja, mientras que el valor promedio (12.4 g) observado en la presente investigación fue superior con lo reportado por Parra *et al.* (2012).

En cuanto al peso seco de tallo se observó mayor promedio (40.60 g) en el genotipo P25ZINPB y estadistícamente superó al resto de los genotipos de jitomate; mientras que el menor valor promedio (11.3 g) fue observado en P75VCOAX y al comparar ambos promedios se detectó 29.3 g de variación en peso seco de tallo. Los resultados indican que existe variabilidad genética entre los genotipos. Reybet *et al.* (2012) evaluaron el efecto de solarización e inoculación de semillas de jitomate con *Pseudomonas fluorescens* P190 a una concentración de 108 UFC mL-1 de suspensión, los autores reportaron 68 g de materia seca, mientras que en la presente investigación el promedio fue inferior.

Respecto al peso seco de raíz, se observó 18.90 g en el genotipo P25ZINPB y estadísticamente superó el resto de los genotipos, mientras que el menor peso (1.20 g) fue observado en el genotipo P70VCOAX, al cotejar ambos valores promedio, se detectó 17.70 g de variación en peso seco de raíz, de lo cual se deduce, que cada genotipo mostró su capacidad de desarrollar el sistema radicular para absorber los nutrimentos. Santillana *et al.* (2005) inocularon plantas de jitomate con la cepa bacteriana PEVF01 y reportaron en promedio 110 mg de materia seca de raíz; mientras que Sánchez *et al.* (2012) inocularon plantas de tomate variedad Sofía con cepas *Enterobacter* sp. TVL-2 y *P. putida* PSO14 y reportaron 5.80 g de peso seco de raíz, estos resultados coinciden con el promedio (5.04 g) observado en la presente investigación, mientras que el promedio reportado por Santillana *et al.* (2005) fue inferior.

En relación al número de semillas, el genotipo P108CHIGR presentó mayor valor promedio (370 semillas) y estadísticamente superó a nueve genotipos, mientras que el menor promedio (153.70) correspondió a P65VCOAX. Al contrastar los valores extremos se detectó 216 semillas de variación entre genotipos. Vásquez-Ortiz *et al.* (2010) aplicaron formulaciones de fertilizante en

fertirriego y calcio cada semana en plantas de jitomate (Colecta GUE-79), los autores reportaron 133 semillas por fruto; este resultado difiere con el promedio (269.30) observado en la presente investigación.

## **Conclusiones**

La inoculación de plantas de jitomate con cepas bacterianas mostró respuesta específica en diversas características agronómicas. Las cepas bacterianas promovieron el peso fresco y seco de la raíz, peso fresco y seco de hoja, peso fresco de fruto y número de semillas de los genotipos de jitomate. Se detectaron genotipos con características agronómicas deseables como: precocidad en P48THOAX, peso de fruto P49THOAX, peso fresco de hoja P47THOAX, longitud de raíz, P23ZINPB, longitud de tallo P37CHIGR, peso fresco y seco de hoja, peso seco de tallo y raíz en P25ZINPB. La aplicación de bacterias promotoras de crecimiento a las plantas de jitomate es una alternativa para producir frutos con características físicas aceptables semejantes a las que fueron producidas con solución nutritiva. Existen genotipos con características agronómicas aceptables para generar líneas e híbridos a corto plazo.

#### **Agradecimientos**

Al CONACYT por otorgarme una beca para desarrollar el presente trabajo de investigación y a la Maestría de Ciencias Agropecuarias y Ambientales y Gestión Local por haberme permitido desarrollarme académicamente.

# Bibliografía

Álvarez-Hernández J. C., Cortés-Madrigal H., García Ruiz I. 2009. Exploración y caracterización de poblaciones silvestres de jitomate (Solanácea) en tres regiones de Michoacán, México. Revista

Polibotánica 28:139-159. <a href="http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S1405-27682009000200007">http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S1405-27682009000200007</a>

Brisse S, Grimont F. 2006. El género *Klebsiella* en los prokaryotes: un Manual de la Biología de bacterias, *Klebsiella* 3ª edición, vol. 6: 159-196. Editado por M. Dworkin, S. Falkow, E. Rosenberg, K.-H. Schleifer y E. Stackebrandt. Nueva York: Springer.

Carcaño-Montiel M. G., Ferrera-Cerrato R., Pérez-Moreno J., Molina-Galán J. D., Bashan Y. 2006. Actividad nitrogenasa, producción de hormonas, sideróforos y antibiosis en cepas de *Azospirillum* y *Klebsiella* aisladas de maíz y teocintle. Terra Latinoamericana 24: 493-502. https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=57324407

Díaz-Vargas P., Ferrera-Cerrato R., Almaraz-Suárez J.J., Alcántara-González G. 2001. Inoculación de bacterias promotoras del crecimiento en lechuga. Terra Latinoamericana 19:327-335. https://www.redalyc.org/pdf/573/57319405.pdf

Elbeltagy A., Nishioka K., Sato T., Suzuki H., B. Ye, T. Hamada, T. Isawa, y H. Mitsui, K. Minamisawa. 2001. Endophytic colonization and in plant Nitrogen Fixation by a *Herbaspirillum* sp. isolated from wild rice species. Applied and Environmental Microbiology 67:5285-5293.

https://aem.asm.org/content/aem/67/11/5285.full.pdf

Esquinas-Alcázar J.T. y F. Nuez-Viñals. 2001. Situación taxonómica, domesticación y difusión del tomate. *In:* El cultivo de tomate. F. Nuez. Mundi Prensa. España 13-42 p. <a href="https://dialnet.unirioja.es/servlet/libro?codigo=298619">https://dialnet.unirioja.es/servlet/libro?codigo=298619</a>

García E. 2004. Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen. Quinta edición. UNAM. México, D. F. 90 p.

Grandilio S, Hsin Mei K. y Tanksley S. D. 1996. Characterization of a major QTL influencing fruit shape in tomato. Molecular Breeding 2: 251-260. <a href="https://doi.org/10.1007/BF00564202">https://doi.org/10.1007/BF00564202</a>

Holt K. E, Wertheim H., Zadoks R. N., Baker S., Whitehouse C. A., Dance D., Adam Jenney, Connor Thomas R., Yang Hsu Li, Severin Juliëtte, Brisse Sylvain, Cao Hanwei, Wilksch Jonathan, Gorrie Claire, Schultz Mark B., David J. Edwards, Kinh Van Nguyen, Trung Vu Nguyen, Trinh Tuyet Dao, Mensink Martijn, Vien Le Minh, Nguyen Thi Khanh Nhu, Schultsz Constance, Kuntaman Kuntaman, Newton N. Paul., Catrin E. Moore, Strugnell Richard A y Nicholas R. Thomson. 2015. Genomic analysis of diversity, population structure, virulence, and antimicrobial resistance in *Klebsiella pneumoniae*, an urgent threat to public health. Proceedings of the National Academy of Science. E3574-E3581. https://doi.org/10.1073/pnas.1501049112

Holtan E. E. H. and S. Hake. 2003. Quantitative trait locus analysis of leaf dissection in Tomato using *Lycopersicon pennellii* segmental introgression lines. Genetics 165:1541-1550. https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf

Juárez-López P., Castro-Brindis R., Colinas-León T., Sandoval-Villa M., Ramírez-Vallejo P., Reed W. D, Cisneros Zevallos L., King S. 2012. Evaluación de características de interés agronómico de siete genotipos nativos de jitomate (*Lycopersicom esculentum* Mill.) cultivados en hidroponía. Revista Chapingo Serie Horticultura18:207-216. http://www.scielo.org.mx/pdf/rcsh/v18n2/v18n2a2.pdf

Juárez-Maldonado A., De Alba-Romenus K., Zermeño-González A., Ramírez H., y Benavides Mendoza A. 2015. Análisis de crecimiento del cultivo de tomate en invernadero. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 6:943-954.

file:///C:/Users/94364/Downloads/Anlisisdecrecimientodelcultivodetomateeninvernadero.pdf

Koneman E. W., M. J. Willian, P. C. Schreckenberger, W. C. Winn y S. D. Allen, G. L. Woods.

2008. Diagnóstico Microbiológico Texto y Atlas en Color, Buenos Aires, Argentina 250-253 p.

http://www.fundacionio.org/books/books/microbiologia\_koneman.html

Lara-M. C., Álvarez S A. y L. E. Oviedo Z. 2013. Impacto de inoculación con la bacteria nativa *Azospirillum* sobre *Orza sativa* L. en Córdoba Colombia. Biotecnología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial 11:37-45. <a href="http://www.scielo.org.co/pdf/bsaa/v11n2/v11n2a05.pdf">http://www.scielo.org.co/pdf/bsaa/v11n2/v11n2a05.pdf</a>

Martínez-Blanco B., Antonio-Vejar V., Bello-Martínez J., Palemón-Alberto F., Romero-Ramírez Y., Orbe-Díaz D. I. y Toribio-Jiménez J. 2020. Use of plant gowth promoting bacteria to increase the production of Lactuca sativa L. in the field. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 11:449-452.

Mehnaz S, y G. Lazarovits. 2006. Inoculation effects of *Pseudomonas putida, Gluconacetobacter azotocaptans*, and *Azospirillum lipoferum* on corn plant growth under greenhouse conditions. Microbiol Ecology 51:326–335.

# file:///C:/Users/94364/Downloads/corngreenhouse.microbialecology.pdf

Parra-Terraza S., Lara-Murrieta P., Villareal-Romero M. y Hernández-Verdugo S. 2012. Plant growth and tomato yield at several nitrate/ammonium ratios and bicarbonate concentrations. Revista Fitotecnia Mexicana 35:143-153. <a href="http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v35n2/v35n2a6.pdf">http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v35n2/v35n2a6.pdf</a> Patricio-Hernández A, Ortega-Acosta S. A., Ramírez-Peralta A., Ayala-Sánchez A., Palemón-Alberto F., Toledo-Hernández E., Romero-Ramírez Y. y Toribio-Jiménez J. 2020. Antagonistic bacteria for biospace control of roselle spot (*Corynespora cassiicola*) of *Hibiscus sabdariffa*. Mexican Journal of Phytopathology 38:450-462. DOI: 10.18781/R.MEX.FIT.2006-1

Qiao J, X. Yu, X. Liang, Y. Liu, R. Borriss and Y. Liu. 2017. Addition of plant growth promoting *Bacillus subtilis* PTS-394 on tomato rhizosphere has no durable impact on composition of root microbiome. BMC Microbiology 17:13.

# https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/s12866-017-1039-x

Radwan M. A., Abu-Elamayem M. M., SH. M. L. Kassem and E. K. El Maadawy. 2004. Management of *Meloidogyne incognita*, root-knot nematode by integration of *Bacillus*  thuringiensis with either organic amendments or carbofuran. Pakistan Journal of Nematology 22:135-142. https://www.researchgate.net/publication/259295349

Reybet G. E, Bustamante A. P., Reybet C. M., Bramardi S. J. and Escande A. R. 2012. Efecto sinérgico de la solarización del suelo y la aplicación de *Pseudomonas fluorescens* P190 sobre el rendimiento de tomate en invernadero. Horticultura Argentina 31:5-11. <a href="https://www.researchgate.net/publication/260869592">https://www.researchgate.net/publication/260869592</a>

Rodríguez-Díaz E., Salcedo-Pérez E., Rodríguez-Macias R., González-Eguiarte D. R. y Mena-Munguía S. 2013. Reúso del tezontle: efecto en sus características físicas y en la producción de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill). Terra Latinoamericana 31:275-284.

http://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v31n4/2395-8030-tl-31-04-00275.pdf

Rueda Puente E. O., Villegas Espinoza J. A., Gerlach Barrera L. E., Tarazón Herrera M. A., Murillo Amador B., García Hernández J. L., Troyo Diéguez E. y Preciado Rangel P. 2009. Efecto de la inoculación de bacterias promotoras de crecimiento vegetal sobre la germinación de *Salicornia bigelovii*. Terra Latinoamericana 27:345-354.

http://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v27n4/v27n4a9.pdf

Santillana N., C. Arellano y D. Zúñiga. 2005. Capacidad del *Rhizobium* de promover el crecimiento en plantas de tomate (*Lycopersicon esculentum* Miller). Ecología Aplicada 4:47-51. <a href="http://www.scielo.org.pe/pdf/ecol/v4n1-2/a07v4n1-2.pdf">http://www.scielo.org.pe/pdf/ecol/v4n1-2/a07v4n1-2.pdf</a>

Uribe-Lorío L, Castro-Barquero I., Arauz-Cavallini F., C. Henrriquez-Henrríquez y Blanco Meneses M. 2014. Pudrición basal causada por *Phytophthora capsici* en plantas de chile tratadas con vermicomposta Agronomía Mesoamericana 25:243-253. https://www.redalyc.org/pdf/437/43731480003.pdf

Vallejo-Cabrera F. A., Pava M. J. H., Vargas M. J. A. y Arango P. A. 1994. Caracterización morfo-agronómica de especies y variedades botánicas del genero *Lycopersicom*. Acta Agronómica 44:37-50. <u>file:///C:/Users/94364/Downloads/15554-47408-1-PB.pdf</u>

Van Der Knaap E, Z. Lippman y S. D. Tanksley. 2002. Extremely elongated tomato fruit controlled by four quantitative trait loci with epistatic interactions. Theoretical and Applied Genetics 104:241-247. https://doi.org/10.1007/s00122-001-0776-1

Vásquez-Ortiz R, Carrillo-Rodríguez J. C. y Ramírez-Vallejo P. 2010. Evaluación morfoagronómica de una muestra del jitomate nativo del Centro y Sureste de México. Naturaleza y Desarrollo 8:49-64.

https://www.ciidiroaxaca.ipn.mx/revista/sites/www.ciidiroaxaca.ipn.mx.revista/files/pdf/vol8num 2/NatyDes\_Vol-8-2-Art4.pdf

Cuadro 1. Cuadrados medios de 13 variables, efecto de los tratamientos, respuesta de los genotipos de jitomate criollo y su interacción.

DAF 8.	07*				CV (%)	$r^2$	Media
	.87*	7.40**	4.59*	3.16	3.66	1.78	48.51
PDF 71	10.67 **	1220.29 **	359.00**	222.80	36.86	14.92	40.47
NL 6.	.41 ns	31.12 **	9.58 ns	7.18	47.18	2.67	5.68
PFH 62	20.49 ns	10.73 **	660.03 **	330.53	47.50	18.18	38.27
LR 16	694.23 **	1431.59 **	620.42 ns	506.37	37.27	22.50	60.36
LT 13	377.85 ns	7937.66 **	2123.45 **	1015.23	20.46	31.86	155.67
PFT 27	780.15 *	14717.37 **	2381.16 **	1016.49	29.64	31.88	107.55
PFR 4.	.06 ns	425.31 **	159.81 **	63.17	53.49	7.94	14.85
VR 22	2.86 ns	205.21 **	61.02 **	34.65	44.84	5.88	13.12
PSH 75	5.53 *	183.71 **	112.12 **	29.81	44.01	5.46	12.40
PST 25	5.04 ns	446.10 **	205.04 *	143.56	62.21	11.98	19.25
PSR 14	4.49 ns	155.42 **	49.72 **	13.97	74.06	3.73	5.04
NS 13	3232.86 ns	47088.05 **	20929.40 *	14350.04	44.48	119.79	269.30
GL 4		18	72				

Trat: tratamientos; Gen: genotipos; I MCxG: interacción tratamientos por genotipos; CV %: coeficiente de variación en porcentaje; r²: r cuadrada; DAF: días a floración, PDF: peso fresco de fruto; NL: número de lóculos; PFH: peso fresco de hoja; LR: longitud de raíz; LT: longitud de tallo; PFT: peso fresco de tallo; PFR: peso fresco de raíz; VR: volumen de raíz; PSH: peso seco de hoja; PST: peso seco de tallo; PSR: peso seco de raíz; NS: número de semillas; \*\* Altamente significativo; \* Significativo; ns: no significativo.

Cuadro 2. Comparación de medias de seis variables medidos en 19 genotipos de jitomate criollo.

Genotipos	DAF	PDF	NL	PFH	LR	LT
P13TEHPB	49.80 a	45.00 bcde	5.90 cdefg	37.00 bcdef	63.30 bcde	102.90 h
P21ZINPB	47.30 bcd	39.60 cdef	4.70 defgh	35.80 cdefg	77.40 ab	109.50 h

P23ZINPB	48.50 abc	42.30 bcdef	3.30 hi	33.60 efg	87.10 a	117.50 gh
P25ZINPB	48.50 abc	53.00 ab	6.60 abcde	52.30 ab	71.80 abc	184.00 abc
P37CHIGR	48.30 abc	39.30 cdef	3.80 fghi	48.20 abcd	66.30 bcd	197.10 a
P47THOAX	47.40 bcd	41.90 bcdef	6.80 abcd	54.30 a	59.50 bcde	188.60 ab
P48THOAX	46.40 d	43.00 bcdef	6.30 bcde	47.20 abcd	71.70 abc	171.80 abcd
P49THOAX	48.50 abc	58.60 a	7.70 abc	33.20 defg	67.20 abcd	173.90 abc
P50THOAX	49.00 a	48.10 abc	4.40 efghi	50.00 abc	65.20 bcd	183.20 abc
P51MXOAX	48.80 ab	48.30 abc	4.80 defgh	39.00 a	56.30 cde	172.00 abcd
P61PCHAX	47.10 cd	45.80 abcd	4.80 defgh	47.80 abcd	56.90 cde	176.80 abc
P65VCOAX	49.20 a	38.80 cdef	8.40 ab	35.80 cdefg	44.50 ef	145.00 defg
P108CHIGRO	49.00 a	18.00 gh	3.70 bcd	45.40 abcde	55.70 cde	156.10 cdef
P106RJ	49.00 a	14.90 h	2.30 i	32.90 defg	58.40 bcde	165.50 bcde
P90MEYUC	49.00 a	31.20 fg	6.70 abcde	38.00 bcdef	52.30 cdef	159.30 cd
P95VCOAX	49.00 a	33.60 def	7.40 abc	29.20 fgh	35.10 f	140.10 efg
P71VCOAX	49.00 a	53.10 ab	5.50 cdefgh	30.20 efgh	55.70 cde	162.00 bcd
P70VCOAX	49.00 a	42.50 bcdef	8.70 a	16.40 h	50.60 def	128.50 fgh
P66VCOAX	49.00 a	32.10 ef	6.10 bcdef	20.80 gh	51.90 cdef	124.00 gh
DSH (0.05)	2.88	24.15	4.33	29.42	36.41	51.56
Media	48.51	40.47	5.68	38.27	60.36	155.67

Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes (DSH, 0.05). DAF: días a floración;

PDF: peso de fruto; NL: número de lóculos; PFH: peso fresco de hoja; LR: longitud de raíz; LT: longitud de tallo.

Cuadro 3. Comparación de medias de siete variables medidos en 19 genotipos de jitomate criollo.

Genotipos	PFT	PFR	VR	PSH	PST	PSR	NS
P13TEHPB	179.40 a	25.70 ab	23.50 a	12.40 bcde	19.90 bcd	6.80 bcd	340.00 abc
P21ZINPB	181.00 a	19.80 bcd	16.40 b	10.50 def	22.80 bc	5.30 cdef	211.70 def
P23ZINPB	182.30 a	23.00 bc	22.00 b	9.90 def	19.40 bcd	8.70 b	251.10 bcdef
P25ZINPB	146.00 b	31.60 a	16.40 b	25.90 a	40.60 a	18.90 a	239.90 cdef
P37CHIGR	115.00 c	14.20 defg	12.50 bc	17.10 b	22.50 bc	4.70 def	213.30 def
P47THOAX	104.90 cd	14.80 f	12.50 bc	15.50 bc	21.90 bcd	4.00 defg	351.00 ab

P48THOAX	103.00 cd	14.50 def	16.00 b	12.40 bcde	17.40 cd	4.70 def	350.00 ab
P49THOAX	86.10 de	12.40 efgh	13.30 bc	10.10 def	15.00 cd	3.60 defg	314.00 abcd
P50THOAX	114.80 c	11.90 efgh	12.70 bc	9.20 def	15.80 cd	3.90 defg	239.20 cdef
P51MXOAX	87.60 cde	10.50 fg	12.90 bc	13.50 bcd	17.40 cd	3.60 defg	218.00 def
P61PCHAX	106.80 cd	10.10 fgh	13.30 bc	13.30 bcd	19.50 bcd	3.60 dg	162.00 f
P65VCOAX	63.60 e	7.30 g h	9.00 cde	13.20 bcd	12.90 cd	2.00 fg	153.70 f
P108CHIGRO	88.40 cde	18.60 cde	13.00 bc	12.10 cde	16.70 cd	8.30 bc	370.00 a
P106RJ	71.20 e	9.50 fgh	13.60 bc	11.30 cde	16.10 cd	3.30 efg	360.80 a
P90MEYUC	72.50 e	12.50 efgh	10.20 cde	9.60 def	12.70 cd	2.70 fg	301.00 abcde
P95VCOAX	60.40 e	7.10 h	6.40 de	7.70 ef	11.30 d	2.00 fg	301.00 abcde
P71VCOAX	86.70 cde	10.00 fgh	9.30 cde	16.00 bc	29.60 b	2.20 c	309.80 abcd
P70VCOAX	88.50 cde	10.50 fgh	5.20 e	6.30 f	16.40 cd	1.20 g	230.70 def
P66VCOAX	105.40 cd	18.30 cde	11.20 bcd	9.70 def	18.00 cd	6.40 bcde	199.60 ef
$DSH(p \le 0.05)$	51.59	12.86	9.52	8.83	19.38	6.04	193.84
Media	107.55	14.85	13.12	12.40	19.25	5.04	269.30

Medias con letras iguales no son estadísticamente diferentes (DSH, 0.05). PFT: peso fresco de tallo; PFR: peso fresco de raíz; VR: volumen de raíz; PSH: peso seco de hoja; PST: peso seco de tallo; PSR: peso seco de raíz; NS: número de semillas.

IV. BACTERIAS PROMOTORAS DE CRECIMIENTO VEGETAL Y SU INTERACCIÓN

CON LOS GENOTIPOS DE JITOMATE CRIOLLO

Resumen

El jitomate (Solanum lycopersicum L.) es de gran importancia por su amplio consumo, el origen

se dio en la región Sur-central de Perú donde se localizan ocho especies silvestres, pero a México

se le considera como su centro de domesticación. El objetivo de este trabajo de investigación fue

evaluar la interacción de las bacterias promotoras de crecimiento vegetal con los genotipos de

jitomate nativo. En el municipio de Iguala, Guerrero, se estableció un experimento en un diseño de

bloques completos al azar con 5 tratamientos y 5 repeticiones. Las variables fueron: días a

floración, peso fresco de fruto, longitud de raíz, peso fresco de raíz, volumen de raíz, peso seco de

raíz y número de semillas. El análisis de varianza mostró diferencias significativas en la fuente de

variación interacción tratamientos por genotipos. Los resultados indicaron que es importante

aplicar cepas bacterianas en genotipos de jitomate porque presentaron variación genética en días a

floración, número de lóculos, peso fresco de fruto, longitud de tallo, longitud de raíz, peso fresco

de tallo, peso fresco de raíz, volumen de raíz y número de semillas y esto permite reducir los

agroquímicos y beneficiar a la biodiversidad. La interacción de las bacterias promotoras de

crecimiento vegetal con los genotipos de jitomate criollo, mostraron cierta especificidad para

influir en la expresión de las características agronómicas y componentes de rendimiento.

Palabras clave: Solanum Lycopersicum L., cepas bacterianas, interacción bacteria por genotipo

25

Abstract

The tomato (Solanum lycopersicum L.) is of great importance due to its wide consumption, the

origin was in the South-central region of Peru where eight wild species are located, but Mexico is

considered as its domestication center. The objective of this research work was to evaluate the

interaction of plant growth-promoting bacteria with native tomato genotypes. In the municipality

of Iguala, Guerrero, an experiment was established in a randomized complete block design with 5

treatments and 5 repetitions. The variables were: days to flowering, fresh fruit weight, root length,

fresh root weight, root volume, dry root weight, and the number of seeds. The analysis of variance

showed significant differences in the source of variation interaction treatments by genotypes. The

results indicated that it is important to apply bacterial strains in tomato genotypes because they

presented genetic variation in days to flowering, the number of locules, fresh fruit weight, stem

length, root length, fresh stem weight, fresh root weight, volume root, and the number of seeds and

this allows reducing agrochemicals and benefiting biodiversity. The interaction of plant growth-

promoting bacteria with native tomato genotypes showed certain specificity to influence the

expression of agronomic characteristics and yield components.

Keywords: Solanum Lycopersicum L., bacterial strains, bacterial by genotype interaction.

26

## Introducción

El jitomate (*Solanum lycopersicum* L.) es de gran importancia por su amplio consumo, el origen se dió en la región Sur-central de Perú donde se localizan ocho especies silvestres, pero a México se le considera como su centro de domesticación según (Jenkins, 1948; Rick y Fobes, 1975; Peralta y Spooner, 2007); esta es una de las hortalizas de gran importancia en la producción agrícola. El género *Solanum* muestra variación en intensidad de color, forma y tamaño de fruto, así como hábitos de crecimiento y morfología de la hoja (Grandilio *et al.* 1996; VanDer-Knaap *et al.* 2002; Holtan y Hake 2003). Vallejo-Cabrera *et al.* (1994), mencionan que las formas silvestres de jitomate presentan un mayor número de flores por racimo, carácter que podría relacionarse con la productividad potencial.

Una explicación alternativa es que la forma de la fruta puede verse alterada por muchos genes, se sabe que las características de la forma son más pronunciadas en frutos más grandes (Van der Knaap y Tanksley, 2003).

La necesidad de producir más alimento en menos tiempo del periodo de desarrollo vegetativo del cultivo ha traído como consecuencia mayor consumo de energía, agua, uso de fertilizantes y pesticidas, sin considerar la contaminación del medio ambiente; para disminuir la contaminación ambiental es importante hacer uso de bacterias promotoras del crecimiento vegetal, PGPB (por sus siglas en inglés, (Plant Growing Promoting Bacteria) como alternativa para disminuir la aplicación de fertilizantes químicos para contribuir con el uso de cepas bacterianas como una alternativa para disminuir la aplicación de fertilizantes químicos y para contribuir con el desarrollo de la agricultura sostenible. Se han realizado diversos estudios bajo condiciones de invernadero y campo abierto, inoculando bacterias promotoras de crecimiento vegetal asociadas en gramíneas, para incrementar,

estimular, movilizar, solubilizar y transformar los nutrientes en los suelos (Loredo-Osti *et al.*, 1998).

Se ha trabajado con diferentes especies del género *Azospirillum* y *Gluconacetobacter* que son capaces de promover el crecimiento y aumentar el rendimiento de numerosos cultivos de interés agrícola, entre ellos el maíz (Mehnaz, 2015; Eskin *et al.* 2014). *Basillus subtilis* (Qiao *et al.* 2017) y *Rhizobium* (Santillana *et al.* 2005) han sido estudiados en plantas de jitomate.

El objetivo del presente trabajo de investigación fue evaluar la interacción de las bacterias promotoras del crecimiento vegetal en 19 genotipos de jitomate nativo.

## Materiales y métodos

# Localización del experimento

El presente estudio se desarrolló en condiciones de bioespacio en el Campus Tuxpan de la Universidad Autónoma de Guerrero, en Iguala, Guerrero, (18° 20' 45", 99° 29' 40", altitud de 735 msnm) cuyo clima es el más seco de los cálidos subhúmedos, lluvias en verano distribuidas de junio a octubre, precipitación media anual de 978 mm y temperatura media anual de 25.7 °C (García, 2004).

## Material genético

Se utilizaron 19 genotipos de jitomate criollo, frutos de tamaño grande, provenientes de los estados de Puebla, Guerrero, Oaxaca y Yucatán.

# Diseño experimental

Se usó un diseño experimental de bloques completos al azar con arreglo factorial con cinco tratamientos y cinco repeticiones, la unidad experimental fue una planta. Se evaluaron 19 genotipos de jitomate, se aplicaron 10 mL en tres ocasiones con los siguientes tratamientos: *Klebsiella variicola* (PB06), *Klebsiella quasipneumoniae* (HPA 4-3), *Klebsiella pneumoniae* (PB02), solución nutritiva y testigo (agua).

## Establecimiento del experimento

Para germinar las semillas de jitomate se usaron vasos de unicel con capacidad de 1 L, con tres orificios en la base, con la finalidad de tener buen drenaje de agua, posteriormente se les agregó composta y agua para humedecerla. Se sembraron tres semillas por vaso a una profundidad de 1 cm, y se aplicó riego ligero a cada vaso después de la siembra.

## Conducción del experimento

El riego se aplicó cada tercer día a las plántulas de jitomate hasta el trasplante. Las malezas se eliminaron en forma manual. Se llenaron bolsas de polietileno con capacidad de 6 kg de sustrato (composta), mismas que se les aplicó riego antes de realizar el trasplante. El trasplante se realizó el día 25 de julio del 2018, y se aplicó un riego ligero; en la etapa fenológica de pre-floración se vertió 1L, en floración 2L y en fructificación 3L de agua a cada planta. Se inocularon tres veces las plantas con bacterias promotoras de crecimiento de raíz cada 15 días después del trasplante, se aplicó 10 ml de solución a cada planta. Para el tutoreo de las plantas de jitomate se utilizó alambre de calibre 12 y rafia color negro. En el experimento se detectó el gusano del fruto *Agriotes* spp. y para su control se aplicó 50 ml de insecticida Palgus® (Spinetoram). En cada planta se hicieron ocho cortes de frutos con madurez fisiológica, mismas que se llevaron al laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal para cuantificar sus características. Al término de la producción de frutos las plantas fueron separadas de las macetas, con la finalidad de determinar la materia seca de las hojas, tallo y raíz.

#### Variables de estudio

En el experimento de jitomate, se cuantificaron las siguientes variables: días a floración (DAF), peso de fruto (PDF), número de lóculos (NL), número de semillas (NS), peso fresco de hoja (PFH), longitud de raíz (LR), longitud de tallo (LT), peso fresco de tallo (PFT), peso fresco de raíz (PFR), volumen de raíz (VR). Las muestras de hoja, tallo y raíz se colocaron en un horno de secado marca NOVATECH® para su deshidratación durante 72 hrs a 62°C, posteriormente se tomó lectura de las muestras de las siguientes variables: peso seco de hoja (PSH), peso seco de tallo (PST) y peso seco de raíz (PSR).

#### Análisis estadístico

Los datos se sometieron a análisis de varianza y la comparación de medias se efectuó mediante la prueba de tukey  $\alpha=0.05$ , para dicho análisis se utilizó el programa estadístico *Statistical Analysis Sistem* (SAS) Versión **9.0.** 

## Resultados y discusión

## Análisis de varianza

Se efectuó el análisis de varianza para 13 variables medidos en genotipos de jitomate criollo (Cuadro 2). En la fuente de variación tratamientos, se observó significancia estadística (p≤0.05) en días a floración (DAF), peso fresco de tallo (PFT), peso seco de hoja (PSH), mientras que, en peso de fruto (PDF) y longitud de raíz (LR), se observó diferencia altamente significativa (p≤0.01). Aunado a lo anterior las variables como: número de lóculos (NL), peso fresco de hoja (PFH), longitud de tallo (LT), peso fresco de raíz (PFR), volumen de raíz (VR), peso seco de tallo (PST), peso seco de raíz (PSR) y número de semillas (NS) no mostraron variación, por lo que los resultados indican que los tratamientos afectaron en las variables repuesta anteriormente mencionados.

En la fuente de variación genotipo, se encontró que las variables bajo estudio presentaron diferencias altamente significativas (Cuadro 2).

En la fuente de variación interacción tratamiento por genotipo se observó diferencias significativas en días a floración (DAF), peso seco de tallo (PST) y número de semillas (NS); mientras que en ocho variables hubo diferencias altamente significativas; en cambio en número de lóculos (NL) y longitud de raíz (LR), no hubo significancia estadística.

## Comparación de medias de tratamientos

Al comparar los promedios de los tratamientos que se aplicaron en 19 genotipos, se observó similitud estadísticamente, sin embargo, fue diferente respecto al testigo. Estos resultados indican que la floración no fue afectada por los medios de cultivo, además en el testigo hubo un día de retraso en la floración de los genotipos de jitomate. Al inocular cepas microbianas como *Klebsiella quasipneumoniae* en la raíz, las plantas de jitomate presentaron 49 días a floración, mientras que

al aplicar *Klebsiella pneumoniae*, solución nutritiva y *Klebsiella variicola*, aceleraron un día de floración (48 días) y entre estos tratamientos exhibieron similitud, en cambio el testigo presentó un día de precocidad comparado con los cuatro tratamientos anteriormente mencionados.

**Cuadro 4.** Cuadrados medios de 13 variables medidas en 19 genotipos de jitomate criollo evaluados en cinco tratamientos. Periodo julio a diciembre de 2018. Tuxpan, Gro.

Variables	Trat	Gen	I Trat*Gen	Error	CV (%)	r <sup>2</sup>	Media
DAF	8.87*	7.40**	4.59*	3.16	3.66	1.78	48.51
PDF	710.67 **	1220.29 **	359.00**	222.80	36.86	14.92	40.47
NL	6.41 ns	31.12 **	9.58 ns	7.18	47.18	2.67	5.68
PFH	620.49 ns	10.73 **	660.03 **	330.53	47.50	18.18	38.27
LR	1694.23 **	1431.59 **	620.42 ns	506.37	37.27	22.50	60.36
LT	1377.85 ns	7937.66 **	2123.45 **	1015.23	20.46	31.86	155.67
PFT	2780.15 *	14717.37 **	2381.16 **	1016.49	29.64	31.88	107.55
PFR	4.06 ns	425.31 **	159.81 **	63.17	53.49	7.94	14.85
VR	22.86 ns	205.21 **	61.02 **	34.65	44.84	5.88	13.12
PSH	75.53 *	183.71 **	112.12 **	29.81	44.01	5.46	12.40
PST	25.04 ns	446.10 **	205.04 *	143.56	62.21	11.98	19.25
PSR	14.49 ns	155.42 **	49.72 **	13.97	74.06	3.73	5.04
NS	13232.86	47088.05 **	20929.40 *	14350.04	44.48	119.79	269.30
	ns						
GL	4	18	72				

Trat: tratamiento; Gen: Genotipo; I Trat\*G: Interacción medio de cultivo por genotipo; CV %: Coeficiente de variación en porcentaje; r²: r cuadrada; PDF: peso fresco de fruto; NL: número de lóculos; PFH: peso fresco de hoja; LR: longitud de raíz; LT: longitud de tallo; PFT: peso fresco de tallo; PFR: peso fresco de raíz; VR: volumen de raíz; PSH: peso seco de hoja; PST: peso seco de tallo; PSR: peso seco de raíz; NS: número de semillas; \*\* Altamente significativo; \* Significativo; ns: no significativo.

En estudios similares, Rodríguez (2008) reportó 58 días a floración en tomate, la variación es debido a que el material genético utilizado mostró diferente tipo de precocidad. En el presente trabajo de investigación se observó en promedio 48 días a floración, lo cual se deduce que los genotipos fueron más precoces a los reportados por Rodríguez (2008), y al comparar estos promedios se detectó 10 días de variación en la floración, dicha diferencia se le atribuye a que el material genético que se utilizó es de origen genético diferente.

**Cuadro 5**. Prueba de medias de los tratamientos valorados en seis variables y medidos en 19 genotipos de jitomate criollo. Periodo julio a diciembre de 2018. Tuxpan, Gro.

Trat	DAF	PDF	NL	PFH	LR	LT
Kv	48.44 ab	35.18 c	5.42 a	38.55 ab	51.50 b	145.57 b
Kq	49.05 a	45.76 a	5.60 a	43.52 a	56.84 bc	161.00 a
Кр	48.78 a	43.21 ab	5.18 a	38.07 ab	67.13 a	156.81 ab
SN	48.52 b	41.07 abc	6.00 a	39.00 ab	66.76 ab	155.63 ab
Testigo	47.76 b	37.16 bc	6.18 a	32.18 b	59.57 abc	159.34 ab
DSH	1.13	9.52	1.71	11.60	14.35	20.33
(0.05)						
Media	48.51	40.47	5.68	38.27	60.36	155.67

Trat: tratamiento; Kv: Klebsiella variicola; Kq: Klebsiella quasipneumoniae; Kp: Klebsiella pneumoniae; SN: solución nutritiva; DAF: días a floración; PDF: peso de fruto; NL: número de lóculos; PFH: peso fresco de hoja; LR: longitud de raíz; LT: longitud de tallo.

En peso de fruto se observó, variación estadística entre tratamientos aplicados en 19 genotipos de jitomate, el mayor peso de fruto correspondió a la bacteria *Klebsiella quasipneumoniae* (45.76 g), seguido de *Klebsiella pneumoniae* (43.21 g), solución nutritiva (41.07 g), testigo (37.16 g) y *Klebsiella variicola* (35.18 g). Estos resultados indican que los tratamientos afectaron de manera diferencial el peso de fruto de los genotipos, aunque la cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* contribuyó en el mayor peso de fruto (Cuadro 5).

Juárez *et al.* (2015) evaluaron siete genotipos de jitomate tipo cherry y reportaron en promedio (35.9 g) en peso de fruto, estos resultados difieren a los observados en la presente investigación, debido a que al aplicar las cepas bacterianas *Klebsiella quasipneumoniae* y *Klebsiella pneumoniae* presentaron valores promedio (45.76 y 43.21 g) ligeramente superiores con lo reportado por Juárez *et al.* (2015).

**Cuadro 6**. Prueba de medias de los tratamientos valorados en siete variables y medidos en 19 genotipos de jitomate criollo. Periodo julio a diciembre de 2018. Tuxpan, Gro.

Trat	PFT	PFR	VR	PSH	PST	PSR	NS
Kv	111.78 a	14.50 a	12.00 a	13.81 a	19.07 a	5.60 a	271.66 a
Kq	111.02 a	14.94 a	12.86 a	12.39 ab	18.55 a	4.21 a	266.18 a
Кр	110.34 a	15.13 a	13.05 a	11.10 b	19.52 a	5.23 a	289.84 a
SN	112.31 a	15.18 a	13.81 a	13.81 a	20.52 a	4.60 a	239.92 a
Testigo	92.31 b	14.52 a	13.89 a	10.89 b	18.60 a	5.57 a	278.92 a
DSH							
(0.05)	20.34	5.07	3.75	3.48	7.64	2.38	76.44
Media	107.55	14.85	13.12	12.40	19.25	5.04	269.30

Trat: tratamiento; *Kv: Klebsiella variicola*; *Kq: Klebsiella quasipneumoniae*; *Kp: Klebsiella pneumoniae*; SN: solución nutritiva; PFT: peso fresco de tallo; PFR: peso fresco de raíz; VR: volumen de raíz; PSH: peso seco de hoja; PST: peso seco de tallo; PSR: peso seco de raíz; NS: número de semillas.

Respecto al número de lóculos en frutos de jitomate, los tratamientos exhibieron similar en los genotipos, lo cual se deduce que el número de lóculos es controlado genéticamente. Los resultados indican que al aplicar bacterias promotoras de crecimiento no incrementa el número de lóculos en frutos de jitomate de manera significativa, ya que al aplicar solución nutritiva y solo agua (testigo) los resultados fueron similares. Agudelo *et al.* (2011), reportaron dos lóculos por fruto en la variedad tipo cereza (*Solanum lycopersicum* L.), mientras que en el presente estudio se observaron

seis lóculos al aplicar solución nutritiva y agua (testigo), estos resultados difieren con lo reportado por Agudelo *et al.* (2011), la variación es debido al tipo de material genético utilizado en la presente investigación.

Al comparar los promedios de los tratamientos aplicados a 19 genotipos de jitomate, se observó diferencias significativas en peso fresco de la hoja. La cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* exhibió mayor peso fresco de hoja (43.52 g); en cambio *Klebsiella variicola, Klebsiella pneumoniae* y solución nutritiva, mostraron en promedio 38 g de peso fresco de hoja, mientras que el menor valor fue observado en el testigo (32 g). Estos resultados indican que el consorcio de *Klebsiella quasipneumoniae* favoreció el peso fresco de la hoja. De acuerdo con Juárez *et al.* (2015) evaluaron semilla hibrida de jitomate variedad "caimán" de hábito de crecimiento indeterminado y tipo bola, los autores reportaron en promedio 1000 g en peso fresco de hoja; en cambio, en la presente investigación se observó en promedio 39 g, este resultado difiere con lo reportado por Juárez *et al.* (2015).

La longitud de raíz fue afectada significativamente por los tratamientos aplicados en los genotipos de jitomate criollo. La cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* estimuló mayor longitud de raíz (67 cm), en los genotipos, seguido de solución nutritiva (66 cm) y el testigo (59 cm), mientras que *Klebsiella variicola* tuvo menor efecto (51 cm). Al contrastar los valores extremos, se observó 16 cm de variación en longitud de raíz. Los resultados indican que el consorcio bacteriano de *Klebsiella pneumoniae* favoreció el crecimiento de la raíz de los genotipos de jitomate criollo. Gómez *et al.* (2008) usaron como sustratos, suelo estéril (Peat moss), arena blanca estéril (3:1) + hongos micorrízicos arbusculares (HMA) + *Phytophthora* capsici, y aplicaron micorriza *Glomus invermaium Hall, Glomus mosseae* (*Nicolson y Gerdemann*) *Gerdemann y Trappe, Glomus aggregatum Scheck y Smith* y *Gigaspora* sp. *aff.* margarita. dichos autores reportaron en promedio 45 cm de longitud de raíz en jitomate variedad criolla, promedio inferior con lo observado en la

presente investigación, cabe mencionar que las cepas bacterianas promovieron mayor crecimiento de raíz en los genotipos de jitomate.

Al comparar los promedios de longitud de tallo de los genotipos en la etapa final de desarrollo de la planta, los resultados indicaron que los tratamientos aplicados en 19 genotipos de jitomate criollo difirieron en longitud de tallo. La cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* promovió mayor longitud de tallo (161 cm) a los 142 días después del trasplante, aunque estadísticamente no superó a *Klebsiella pneumoniae*, solución nutritiva y al testigo, mientras que *Klebsiella variicola* tuvo menor efecto en la longitud de tallo (145 cm), lo cual deduce que dicha cepa bacteriana no promovió favorablemente el crecimiento vegetativo de las plantas de jitomate.

Las cepas bacterianas estadísticamente mostraron similar efecto en el peso fresco de tallo de plantas de jitomate respecto a la aplicación de la solución nutritiva y difirieron con el tratamiento testigo. Estos resultados indican que las plantas de jitomate mostraron similar peso fresco de tallo, lo cual se deduce que los tratamientos tuvieron similar efecto en las plantas de jitomate a excepción del testigo.

Al aplicar los tratamientos a las plantas de jitomate, se observó similar peso fresco de la raíz de las plantas. Los resultados indicaron que las cepas bacterianas no difirieron respecto a la aplicación de la solución nutritiva y el testigo, ya que el crecimiento de la raíz de las plantas de jitomate exhibieron similar peso fresco de raíz.

Francisco *et al.* (2012) aplicaron *Trichoderma harzianum* en hidrogeles de quitosano en plantas de tomate y reportaron mayor valor en el tratamiento testigo (6.10 g) y al contrastar con el valor promedio (15 g) del peso fresco de raíz observado en la presente investigación, fue superior con lo reportado por Francisco *et al.* (2012).

Los tratamientos aplicados en plantas de jitomate, estadísticamente se observó similitud en el volumen de la raíz. Los resultados indicaron que los tratamientos mostraron similar respuesta en el

volumen de raíz de las plantas de jitomate. Urbina *et al*. (2006) reportaron 1.83 cm³ en volumen de raíz de jitomate, al estudiar la granulometría gruesa de Zeolita cargada con K+, Ca2+ O Mg2+, y al contrastar dicho promedio difirió con lo observado en la presente investigación (16.4 cm³).

La variación observada en peso seco de la hoja de plantas de jitomate, es debido a que los tratamientos afectaron de manera diferencial la respuesta de las plantas durante su etapa fenológica, capacidad de absorción de nutrimentos y acumulación materia seca.

Juárez *et al.* (2015) evaluaron jitomate en condiciones de invernadero y como sustrato utilizaron peat moss en una proporción 1:1 con diversos horarios de riego, para ello reportaron en promedio 100 g de peso seco de raíz a las 16 semanas del trasplante, mientras que en este trabajo de investigación se encontró 13.81 g a las 20 semanas después de la siembra. Estos resultados indican que las plantas mostraron menor número de hojas y consecuentemente menor peso seco de hojas comparado con lo reportado por Juárez *et al.* (2015).

En peso seco de tallo estadísticamente se observó similar efecto de los tratamientos. Urbina *et al*. (2006) estudiaron bacterias promotoras de crecimiento de raíz y en promedio reportaron 0.16 g de peso seco de tallo en plantas de jitomate cv. Mitsuri, estos resultados difieren con respecto al promedio observado (20.52 g) en la presente investigación.

En peso seco de raíz no hubo efecto de los tratamientos al aplicar en la base del tallo de las plantas de jitomates. Gómez *et al.* (2008) inocularon plantas de jitomate con hongos micorrízicos arbusculares (HMA) y reportaron en promedio 2.0 g de peso seco de raíz, estos resultados difieren con el promedio (5.60 g) observado en la presente investigación.

Al cuantificar el número de semillas extraídas de frutos de 19 genotipos de jitomate, se observó valores promedio semejantes al aplicar consorcios bacterianos, solución nutritiva y agua.

Delgado *et al.* (2018) evaluaron la calidad física y fisiológica de las variedades nativas Campeche (C-40), Yucatán (Y-25), Malinalco (M-430) y la variedad comercial Moneymaker (MM), los

autores reportaron 167 semillas de tomate, mientras que en la presente investigación difiere el promedio (269.30 semillas) por fruto.

Álvarez *et al.* (2009) inocularon plantas de jitomate con bacterias promotoras de crecimiento y en promedio reportaron 113.5 semillas, mientras que en la presente investigación el promedio fue de 269.30 semillas por fruto. Estos resultados difieren en número de semillas de jitomate con lo reportado por Álvarez *et al.* (2009).

## Interacción bacteria por genotipo

## Días a floración

La interacción *Klebsiella variicola* por P13TEHPB retardo los días a floración, caso contrario ocurrió con el genotipo P21ZINPB. La cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* al interaccionar con los genotipos P21ZINPB, P23ZINPB, P49THOAX y P50THOAX, la floración fue observada hasta los 50.50 días, mientras que el genotipo P47THOAX adelantó la apertura floral cuatro días. La cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* retardó la floración en el genotipo P51MXOAX y en P61PCHAX mostró precocidad (46.50 días). La solución nutritiva modificó la apertura floral (46.0 días) al interaccionar con el genotipo P48THOAX, caso contrario ocurrió con P25ZINPB, ya que su floración fue de 6.0 días más tardía. El genotipo P61PCHAX al no recibir ningún tratamiento, su floración fue observada a los 41.50 días, mientras que el genotipo P23ZINPB su apertura floral fue más tardío (50.50 días).

Restrepo *et al.* (2008) evaluaron 12 accesiones de especies silvestres de *Solanum habrochaites* (10), *Solanum peruvianum* y una de tomate tipo "chonto" (*Solanum lycopersicum* cv. Maravilla y reportaron en promedio 47 días a floración, mientras en esta investigación se encontró el genotipo P61MXOAX con 41.50 días, siendo este más precoz con seis días de diferencia, a lo reportado por Restrepo *et al.* (2008).

## Peso fresco de fruto

La interacción de la cepa bacteria *Klebsiella variicola* por el genotipo P61PCHAX, se detectó mayor peso de fruto (55.0 g), mientras que el genotipo P108CHIGRO exhibió menor valor (14.0 g). La interacción *Klebsiella quasipneumoniae* por el genotipo por el genotipo P106RJ produjo menor peso fresco de fruto (9.50 g), mientras, que el genotipo P71VCOAX exhibió mayor promedio (71.50 g).

Cuadro 7. Prueba de medias de la interacción tratamientos por genotipos valorado en seis variables y medidas en 19 genotipos de jitomate criollo. Periodo julio- diciembre 2018. Tuxpan, Gro.

Trat	Gen	DAF	PFF	NL	PFH	LR	LT
Kv	Р13ТЕНРВ	52.00	42.50	5.00	32.00	42.50	88.00
Kv	P21ZINPB	44.00	40.50	4.50	29.00	72.50	105.00
Kv	P23ZINPB	45.50	44.50	3.50	35.50	76.50	122.00
Kv	P25ZINPB	47.50	48.50	2.50	98.50	79.50	154.00
Kv	P37CHIGR	48.50	31.00	4.00	47.50	68.50	189.50
Kv	P47THOAX	48.50	37.50	6.50	25.50	53.50	182.50
Kv	P48THOAX	48.00	30.50	7.50	66.00	80.00	187.50
Kv	P49THOAX	46.50	42.50	3.00	45.50	71.50	174.00
Kv	P50THOAX	49.50	54.50	2.50	45.50	58.50	204.00
Kv	P51MXOAX	48.50	32.50	8.50	47.50	48.50	155.00
Kv	P61PCHAX	49.00	55.00	6.50	32.00	33.50	158.50
Kv	P65VCOAX	50.00	18.50	7.00	38.50	70.50	145.00
Kv	P108CHIGRO	49.00	14.00	3.50	20.50	63.00	173.50
Kv	P106RJ	49.00	16.00	3.00	41.50	62.50	190.00
Kv	P90MEYUC	49.00	24.50	6.50	8.50	4.50	128.50
Kv	P95VCOAX	49.00	45.50	7.50	41.50	20.50	205.50
Kv	P71VCOAX	49.00	44.50	4.50	46.50	65.50	175.50
Kv	P70VCOAX	49.00	19.50	8.50	15.50	3.50	13.50

Kv	P66VCOAX	49.00	26.50	8.50	15.50	3.50	13.50
Kq	P13TEHPB	49.50	58.00	4.50	40.00	44.00	112.50
Kq	P21ZINPB	50.50	38.00	4.50	45.50	72.50	108.50
Kq	P23ZINPB	50.50	42.00	4.00	27.00	115.50	122.00
Kq	P25ZINPB	47.50	61.00	6.50	41.00	55.00	173.50
Kq	P37CHIGR	48.50	34.00	4.50	58.00	80.50	200.50
Kq	P47THOAX	46.50	53.50	6.50	64.00	29.50	149.00
Kq	P48THOAX	48.00	43.00	6.50	46.50	58.00	185.50
Kq	P49THOAX	50.50	55.50	8.50	13.50	66.50	145.50
Kq	P50THOAX	50.50	58.50	3.50	105.00	62.00	235.50
Kq	P51MXOAX	48.00	45.00	3.50	60.00	62.50	187.50
Kq	P61PCHAX	49.50	46.50	4.00	105.50	63.50	196.50
Kq	P65VCOAX	49.50	50.00	5.00	67.50	42.50	163.50
Kq	P108CHIGRO	49.00	11.00	4.00	34.00	43.00	134.50
Kq	P106RJ	49.00	9.50	2.00	25.00	41.00	179.50
Kq	P90MEYUC	49.00	42.50	9.50	24.50	46.50	164.50
Kq	P95VCOAX	49.00	45.50	6.50	21.00	34.50	140.00
Kq	P71VCOAX	49.00	71.50	6.50	23.50	56.50	135.50
Kq	P70VCOAX	49.00	59.50	8.50	12.00	65.50	117.00
Kq	P66VCOAX	49.00	45.00	8.00	13.50	41.00	208.00
Кр	P13TEHPB	49.00	34.00	4.50	36.50	67.00	101.00
Kp	P21ZINPB	48.00	81.00	5.00	43.00	77.50	111.00
Kp	P23ZINPB	49.00	39.00	3.00	50.00	97.50	110.00
Kp	P25ZINPB	47.50	45.50	5.00	54.00	81.00	184.50
Kp	P37CHIGR	48.50	47.50	3.00	45.50	77.00	199.50
Kp	P47THOAX	49.00	26.00	6.00	46.50	82.00	191.50
Kp	P48THOAX	47.50	44.50	5.00	40.50	78.50	172.50
Кр	P49THOAX	47.50	49.50	10.50	28.00	61.00	178.00
Кр	P50THOAX	48.50	36.00	6.00	35.50	76.00	146.00
Кр	P51MXOAX	52.50	80.50	3.50	27.50	60.50	183.50
Kp	P61PCHAX	46.50	41.50	4.50	42.50	61.50	202.50

Кр	P65VCOAX	51.00	38.50	4.00	16.00	38.50	110.00
Кр	P108CHIGRO	49.00	32.50	3.00	73.00	52.50	182.50
Kp	P106RJ	49.00	15.00	2.00	30.50	48.50	142.00
Kp	P90MEYUC	49.00	42.50	6.50	54.50	96.50	174.50
Кр	P95VCOAX	49.00	27.50	8.50	28.50	50.50	145.50
Кр	P71VCOAX	49.00	48.50	3.50	16.50	46.00	116.00
Кр	P70VCOAX	49.00	48.50	10.50	16.50	60.00	174.00
Кр	P66VCOAX	49.00	43.00	4.50	38.50	63.50	155.00
SN	Р13ТЕНРВ	49.50	58.50	8.50	38.50	68.50	140.00
SN	P21ZINPB	48.00	24.50	4.00	36.50	92.50	94.50
SN	P23ZINPB	47.00	42.50	2.50	26.50	64.00	89.00
SN	P25ZINPB	52.00	67.50	6.50	25.50	68.00	205.50
SN	P37CHIGR	48.00	34.50	3.00	56.00	49.00	200.00
SN	P47THOAX	47.00	50.00	9.00	42.50	76.50	193.00
SN	P48THOAX	46.00	48.00	6.00	52.00	65.50	141.00
SN	P49THOAX	49.00	80.00	10.00	48.50	69.50	182.50
SN	P50THOAX	49.00	43.50	4.50	45.00	64.50	176.50
SN	P51MXOAX	46.50	21.50	5.00	28.50	54.00	172.50
SN	P61PCHAX	49.00	22.50	5.50	37.50	78.50	163.00
SN	P65VCOAX	48.00	65.00	7.00	27.50	29.00	155.00
SN	P108CHIGRO	49.00	17.50	4.00	58.00	79.50	161.50
SN	P106RJ	49.00	13.00	2.00	44.00	52.50	132.00
SN	P90MEYUC	49.00	23.00	7.50	64.00	75.00	162.50
SN	P95VCOAX	49.00	39.00	9.00	43.50	58.50	98.00
SN	P71VCOAX	49.00	57.50	6.00	33.00	61.00	198.00
SN	P70VCOAX	49.00	39.00	9.00	17.00	72.50	164.00
SN	P66VCOAX	49.00	33.50	5.00	17.00	90.00	128.00
Testigo	Р13ТЕНРВ	49.00	32.00	7.00	38.00	94.50	73.00
Testigo	P21ZINPB	46.00	14.00	5.50	25.00	72.00	128.50
Testigo	P23ZINPB	50.50	43.50	3.50	29.00	82.00	144.50
Testigo	P25ZINPB	48.00	42.50	12.50	42.50	75.50	202.00

Testigo	P37CHIGR	48.00	49.50	4.50	34.00	56.50	196.00
Testigo	P47THOAX	46.00	42.50	6.00	93.00	56.00	227.00
Testigo	P48THOAX	42.50	49.00	6.50	31.00	76.50	172.50
Testigo	P49THOAX	49.50	65.50	6.50	30.50	67.50	189.50
Testigo	P50THOAX	47.50	48.00	5.50	19.00	65.00	153.50
Testigo	P51MXOAX	48.50	62.00	3.50	31.50	56.00	161.50
Testigo	P61PCHAX	41.50	63.50	3.50	21.50	47.50	163.50
Testigo	P65VCOAX	47.50	22.00	19.00	29.50	42.00	151.50
Testigo	P108CHIGRO	49.00	15.00	4.00	41.50	40.50	128.50
Testigo	P106RJ	49.00	21.00	2.50	23.50	87.50	184.00
Testigo	P90MEYUC	49.00	23.50	3.50	38.50	39.00	166.50
Testigo	P95VCOAX	49.00	10.50	5.50	11.50	11.50	111.50
Testigo	P71VCOAX	49.00	43.50	7.00	31.50	49.50	184.50
Testigo	P70VCOAX	49.00	46.00	7.00	21.00	51.50	174.00
Testigo	P66VCOAX	49.00	12.50	4.50	19.50	61.50	115.50

Trat: tratamiento; Gen: genotipo; *Kv*: *Klebsiella variicola; kq*: *Klebsiella quasipneumoniae; kp*: *Klebsiella pneumoniae*; SN: solución nutritiva; DAF: días a floración; PDF: peso de fruto; NL: número de lóculos; PFH: peso fresco de hoja; LR: longitud de raíz; LT: longitud de tallo.

Al contrastar los valores extremos se detectó 62 g de variación en peso fresco de fruto. La cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* no interaccionó con el mismo genotipo, que con la *Klebsiella variicola*, cada consorcio bacteriano mostró interacción específica para beneficiar y afectar el peso fresco de fruto de jitomate.

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* por el genotipo P21ZINPB, se observó mayor peso de fruto (81.0 g), mientras que el genotipo P106RJ produjo frutos de menor peso (15.0 g). Al contrastar los valores extremos se detectó 66 g de variación. Este resultado indica que la cepa bacteriana no tuvo influencia en los genotipos para producir frutos de mayor peso, mientras

que la bacteria *Klebsiella pneumoniae* mostró especificidad favorable en la producción de fruto fresco.

Al aplicar solución nutritiva en la base del tallo de los genotipos de jitomate, se observó mayor respuesta en P49THOAX, el cual produjo frutos de 80.0 g, en tanto que el genotipo P106RJ produjo frutos de menor tamaño y peso (13.0 g). Al contrastar los valores extremos, se detectó 67 g de variación, debido a que el genotipo P106RJ sus frutos son de tamaño pequeños a mediano.

El tratamiento testigo interaccionó con el genotipo P49THOAX, al exhibir mayor valor (65.50 g), mientras que el menor peso de fruto fue observado en el genotipo P95VCOAX. Al contrastar los valores extremos se detectó 55 g de variación. En este mismo tratamiento los genotipos P25ZINPB y P47THOAX produjeron similar peso y tamaño de fruto (42.50 g).

Espinosa *et al.* (2017) inocularon plantas de tomate cv. Afrodita con rizobacterias y reportaron en promedio 77.90 g en peso de fruto, mientras que en la presente investigación el valor promedio fue de 81.0 g generada por la cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae*.

## Número de lóculos por fruto

La cepa bacteriana *Klebsiella variicola* al interaccionar con los genotipos de jitomate, se observó interacción con P51MXOAX, P70VCOAX y P66VCOAX y presentaron valores promedio de 8.50 lóculos por fruto, aunque P23ZINPB, P49THOAX, P108CHIGRO y P106RJ presentaron similar valor. La interacción bacteria por genotipos se observó mayor frecuencia de 6.1 a 9.0 lóculos, P13TEHPB, P21ZINPB, P23ZINPB, P37CHIGR, P108CHIGR y P71VCOAX (entre 3.1 a 6.0 lóculos), P25ZINPB, P49THOAX, P50THOAX y P106RJ (≤ 3.0 lóculos), y no se observaron genotipos que presentaran mayor de 9.0 lóculos al aplicarles *Klebsiella variicola*.

La *Klebsiella quasipneumoniae* interaccionó con el genotipo P90MEYUC y presentó mayor valor promedio (9.5 lóculos por fruto), mientras que el genotipo P106RJ exhibió menor valor promedio (2.0 lóculos). Al contrastar los valores extremos se detectó 7.5 lóculos de variación. Los genotipos

P25ZINPB, P47THOAX, P48THOAX, P95VCOAX y P71VCOAX al interaccionar con la *Klebsiella quasipneumoniae* exhibieron similar valor promedio (6.5 lóculos), respectivamente (Cuadro 6). La interacción bacteria por genotipos se observó mayor frecuencia entre 3.1 a 6.0 lóculos, P25ZINPB, P47THOAX, P48THOAX, P49THOAX, P95VCOAX, Y P71VCOAX (entre 6.1 a 9.0 lóculos), P106RJ (≤3.0 lóculos), y P90MEYUC (≥9.1 lóculos por fruto).

La cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* interaccionó con P49THOAX y P70VCOAX, ambos genotipos mostraron mayor valor promedio (10.5 lóculos por fruto), mientras que el genotipo P106RJ presentó menor valor promedio (2.0). Al contrastar los valores extremos se detectó 8.5 lóculos de variación genética entre genotipos. La interacción bacteria por genotipos se observó mayor frecuencia entre 3.1 a 6.0 lóculos, P23ZINPB, P37CHIGR, P108CHIGR y P106RJ (≤3.0 lóculos), P90MEYUC y P95VCOAX (entre 6.1 a 9.0 lóculos), P49THOAX y P70VCOAX (≥9.1 lóculos por fruto).

La interacción solución nutritiva por genotipos, se observó mayor valor promedio (10.0 lóculos) en P49THOAX, mientras que el genotipo P106RJ exhibió menor valor promedio (2.0 lóculos). Al contrastar los valores extremos se detectó 8.0 lóculos de variación entre genotipos. La interacción bacteria por genotipos se observó mayor frecuencia entre 6.1 a 9.0 lóculos, seguido de 3.1 a 6.0, representado por siete genotipos, ≤3.0 lóculos (P23ZINPB, P37CHIGR y P106RJ), ≥9.1 lóculos por fruto (P49THOAX).

La interacción del tratamiento testigo por los genotipos, se observó que el genotipo P65VCOAX presentó mayor valor promedio (19.0 lóculos por fruto), mientras que P106RJ exhibió menor valor (2.5 lóculos). Al contrastar ambos valores, se observó 16.5 lóculos de variación entre genotipos. La interacción del tratamiento testigo por genotipos se observó mayor frecuencia entre 3.1 a 6.0 lóculos y los conformaron 11 genotipos, el rango de 6.1 a 9.0 lóculos por fruto fue integrado por los genotipos P13TEHPB, P48THOAX, P49THOAX, P71VCOAX y P70VCOAX, mientras que

el genotipo P106RJ fue el que presentó menor número de lóculos; en cambio los genotipos P25ZINPB y P65VCOAX exhibieron más de 9.0 lóculos.

De acuerdo con Rodríguez *et al.* (2017) en un experimento que realizaron, caracterizaron líneas de jitomate, y reportaron dos lóculos en siete de quince materiales, este valor fue similar con lo observado en la presente investigación.

## Peso fresco de hoja

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por el genotipo P25ZINPB, se observó mayor valor promedio (98.50 g) en peso fresco de hoja, mientras que P90MEYUC exhibió menor valor promedio (8.50 g). Al contrastar los valores extremos, se detectó 90.0 g de variación en peso fresco de la hoja. Los genotipos P37CHIGRO, P49THOAX, P50THOAX, P51MXOAX y P71VCOAX, mostraron similar valor promedio. La interacción de la *Klebsiella variicola* por genotipos, se observó mayor frecuencia entre 26.5 a 44.5 g y lo conformaron siete genotipos, el rango de 8.50 a 26.5 g fue integrado por los genotipos P47THOAX, P108CHIGR, P90MEYUC, P70VCOAX y P66VCOAX, de manera similar, cinco genotipos integraron el rango de 44.5 a 62.5 g, mientras que los rangos 62.5 a 80.5 y 80.6 a 98.5 g los integraron los genotipos P48THOAX y P25ZINPB.

La interacción de la cepa *Klebsiella quasipneumoniae* por el genotipo P61PCHAX presentó mayor valor (105.50 g), caso contrario fue observado en el genotipo P70VCOAX (12.0 g). Al contrastar ambos valores promedios, se detectó 93.5 g de variación en peso fresco de hoja.

La interacción *Klebsiella quasipneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (12.0 a 30.6 g) y lo conformaron ocho genotipos, seguido del rango de 30.6 a 49.2 g e integrado por cinco genotipos, mientras que en el tercer intervalo de clase fue agrupado por los genotipos P37CHIGR, P47THOAX, P51MXOAX y P65VCOAX 67.8 g, en el quinto intervalo de clase (86.4 a 105.0 g) fue conformado por los genotipos P50THOAX y P61PCHAX.

La interacción de la *Klebsiella pneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (27.4 a 38.8 g) y lo conformaron siete genotipos, seguido del tercer intervalo de clase con un rango de 38.8 a 50.2 g e integrado por seis genotipos; mientras que el rango de 16.0 a 27.4 g fue integrado por los genotipos P65VCOAX, P71VCOAX y P70VCOAX, y el rango de 50.2 a 61.6 g fue agrupado por los genotipos P25ZINPB y P90MEYUC, en cambio el P108CHIGR se ubicó en el quinto intervalo de clase (61.6 a 73.0 g).

La interacción de la solución nutritiva con el genotipo P90MEYUC se observó mayor valor promedio (64.0 g), mientras que los genotipos P70VCOAX y P66VCOAX exhibieron menor valor promedio (17.0 g). Al contrastar ambos valores, se detectó 47.0 g de variación en peso fresco de hoja entre genotipos (Cuadro 7).

La interacción del tratamiento solución nutritiva por genotipo se observó mayor frecuencia en el tercer intervalo de clase (35.8 a 45.2 g) y lo conformaron siete genotipos, seguido del rango 26.4 a 35.8 g (P23ZINPB, P51MXOAX, P65VCOAX y P71VCOAX), primer intervalo de clase (17.0 a 26.4 g) lo integraron los genotipos P25ZINPB, P70VCOAX, y P66VCOAX, mientras que en el quinto intervalo de clase (54.6 a 64.0) fue representado por P37CHIGR, P108CHIGR, y P90MEYUC, y finalmente los genotipos P48THOAX y P49THOAX se ubicaron en el cuarto intervalo de clase (45.2 a 54.6 g) respectivamente (Figura 19a).

La interacción de tratamiento testigo por el genotipo P47THOAX, se observó mayor valor promedio (93.0), mientras que en P95VCOAX exhibió menor valor promedio (11.5 g). Al contrastar los valores extremos, se detectó 81.5 g de variación en peso fresco de hoja. La interacción del tratamiento testigo por genotipos se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (27.8 a 44.1 g) y lo conformaron 11 genotipos, seguido del rango de 11.5 a 27.8 fue integrado por siete genotipos, en los intervalos de clase tres y cuatro no hubo genotipos para representar al grupo,

el quinto intervalo de clase (76.7 a 93.0 g) fue conformado por el genotipo P47THOAX (Figura 20<sub>a</sub>).

# Longitud de raíz

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por el genotipo P48THOAX, se observó mayor valor promedio (80.0 cm), mientras que en los genotipos P70VCOAX y P66VCOAX, exhibieron menor valor (3.50 cm). Al contrastar ambos valores, se detectó 76.50 cm de variación en longitud de raíz.

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por genotipos se observó mayor frecuencia en el quinto intervalo de clase (64.7 a 80.0 cm) y lo conformaron nueve genotipos de mayor longitud de raíz, los intervalos de clase uno y cuatro fue integrado por tres genotipos; mientras que los intervalos de clase dos y tres fueron conformados por dos genotipos (Figura 21<sub>a</sub>).

La interacción de la *Klebsiella quasipneumoniae* por el genotipo P23ZINPB, se observó mayor valor promedio (115.50 cm), en caso de P47THOAX exhibió menor valor promedio (29.50 cm). Al contrastar los valores extremos, se detectó 86.0 cm de variación en longitud de raíz entre genotipos de jitomate.

La interacción de la bacteria *Klebsiella quasipneumoniae* con los genotipos se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (29.50 a 46.7) en longitud de raíz y lo conformaron ocho genotipos, seguido del segundo intervalo de clase integrado en seis genotipos (46.7 a 63.9 cm), el rango que fluctuó entre 63.9 a 81.1 fue conformado por cuatro genotipos; mientras que el intervalo de clase cinco fue representado por el genotipo P23ZINPB (Figura 22<sub>a</sub>).

La cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* al interaccionar con el genotipo P23ZINPB, se observó mayor valor promedio (97.50 cm), caso contrario ocurrió con P65VCOAX, genotipo que presentó menor valor (38.50 cm). Al comparar los valores extremos se detectó 59.0 cm de variación en longitud de raíz entre genotipos de jitomate.

La interacción de *Klebsiella pneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (50.3 a 62.1 cm) y cuarto (73.9 a 85.7 cm) y cada intervalo fue agrupado por seis genotipos de jitomate, seguido del primer rango de 38.5 a 50.3 cm; mientras que el tercero y quinto intervalos de clase fueron integrados por dos genotipos, este último de los de mayor longitud de raíz (Figura 23<sub>a</sub>).

La solución nutritiva al interaccionar con los genotipos de jitomate, se observó mayor frecuencia en el cuarto intervalo de clase (67.1 a 79.8 cm) y lo conformaron ocho genotipos, seguido del rango de 54.4 a 67.1 cm de longitud de raíz e integrado por cinco genotipos, el segundo intervalo de clase (41.7 a 54.4 cm) fue integrado por los genotipos P37CHIGR, P51MXOAX y P106RJ, mientras que el genotipo P65VCOAX fue ubicado en el primer intervalo de clase por presentar menor longitud de raíz, en cambio, los genotipos P21ZINPB y P66VCOAX se agruparon en el quinto intervalo de clase como los de mayor longitud de raíz (79.8 a 92.5 cm) respectivamente (Figura 24a).

La interacción del tratamiento testigo con el genotipo P13TEHPB, se observó mayor valor promedio (94.50 cm), caso contrario ocurrió con P95VCOAX debido a que presentó menor valor (11.50 cm). Al contrastar ambos valores, se detectó 83.0 cm de variación en longitud de raíz, y los genotipos P37CHIGR, P47THOAX, y P51MXOAX mostraron similar sistema radicular (56.0).

La interacción del tratamiento testigo por genotipos se observó mayor frecuencia en el tercer (44.7 a 61.3 cm) y cuarto intervalo de clase (61.3 a 77.9 cm) y lo integraron por cada grupo seis genotipos, seguido del segundo (21.8 a 44.7 cm) y quinto intervalo de clase (77.9 a 94.5 cm) y este último grupo fue representado por P13TEHPB, P23ZINPB y P106RJ, mismos que exhibieron mayor longitud de raíz, mientras que P95VCOAX fue el único que se ubicó en el primer intervalo de clase (11.5 a 28.1 cm) y el que presentó menor longitud de raíz (Figura 25<sub>a</sub>).

Sánchez *et al.* (2013) evaluaron el efecto de rizobacterias solubilizadoras de fosfato en *Lactuca* sativa cultivar White Boston y reportaron en promedio 38 cm, es evidente que hubo mayor

estimulación en el crecimiento de la longitud de raíz de los genotipos de jitomate al aplicar las cepas bacterianas en el presente estudio. En otro estudio realizado por García *et al*. 2005 observaron que al aplicar *A. brasilense* (A.b.) y 80 kg ha-1 de urea en trigo var. pavón obtuvieron 47.8 cm de longitud de raíz en promedio, valor semejante a lo observado en la presente investigación.

## Longitud de tallo

La interacción de la cepa *Klebsiella variicola* con el genotipo P95VCOAX, se observó mayor valor promedio (205.5 cm), en cambio los genotipos P70VCOAX y P66VCOAX exhibieron menor valor (13.5 cm). Al comparar ambos valores, se detectó 192.0 de variación en longitud de tallo.

La interacción de la cepa bacteriana llamada *Klebsiella quasipneumoniae* con el genotipo P50THOAX, se observó mayor valor promedio (235.5 cm), caso contario ocurrió con P21ZINPB, debido a que exhibió menor valor (108.50 cm). Al contrastar los valores extremos, se detectó 127.0 cm en longitud de tallo entre genotipos de jitomate.

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* con el genotipo P61PCHAX se detectó mayor longitud de tallo (202.5 cm); mientras que el menor valor promedio (101.0 cm) fue observado en el genotipo P13TEHPB. Al contrastar los valores extremos se detectó 101.5 cm de variación en longitud de tallo. Los genotipos P21ZINPB (111.0 cm), P23ZINPB (110.0 cm) y P65VCOAX (110.0 cm) mostraron similar longitud de tallo.

La interacción de la solución nutritiva con el genotipo P25ZINPB, se observó mayor valor promedio (205.50 cm) mientras que con P23ZINPB exhibió menor valor (89.0 cm). Al contrastar los valores extremos, se detectó 116.5 cm de variación en longitud de tallo entre genotipos de jitomate.

La interacción del tratamiento testigo con el genotipo P47THOAX, se observó mayor valor promedio (227.0 cm), caso contrario ocurrió con P13ZINPB debido a que presentó menor valor

(73.0 cm). Al contrastar ambos valores, se detectó 154.0 cm de variación en longitud de tallo, y los genotipos P21ZINPB y P108CHIGR mostraron similar longitud de tallo (128.5 cm).

De acuerdo con Dell" Amico (2007) evaluó la inoculación en plantas de tomate var. INCA y reportó 25 cm de longitud de tallo con el tratamiento micorrizógeno en soporte líquido a base *Glomus* sp. En cambio, comparado con la presente investigación los valores observados fueron superiores con lo reportado por Dell" Amico (2007).

Cuadro 8. Prueba de medias de la interacción tratamiento por genotipos, valorado en siete variables y medidas en 19 genotipos de jitomate. Periodo julio- diciembre 2018. Tuxpan, Gro.

Trat	Gen	PFT	PFR	VR	PSH	PST	PSR	NS
Kv	P13TEHPB	167.50	21.50	22.50	8.00	16.50	4.50	400.00
Kv	P21ZINPB	231.50	13.50	17.50	10.00	19.50	5.00	350.00
Kv	P23ZINPB	190.50	24.50	22.50	10.50	23.00	14.00	150.00
Kv	P25ZINPB	191.50	73.50	24.50	74.50	58.50	48.50	399.50
Kv	P37CHIGR	108.50	11.00	10.00	22.00	29.00	2.50	300.00
Kv	P47THOAX	82.50	11.00	10.00	13.50	25.50	1.50	350.00
Kv	P48THOAX	106.00	13.00	15.00	19.00	18.50	5.00	250.00
Kv	P49THOAX	117.50	10.00	12.50	10.00	16.50	2.00	171.00
Kv	P50THOAX	119.50	9.50	9.50	9.50	20.50	3.50	199.50
Kv	P51MXOAX	76.50	9.00	12.50	15.00	16.00	3.50	214.00
Kv	P61PCHAX	117.00	6.50	7.50	10.00	17.00	1.50	200.00
Kv	P65VCOAX	86.00	12.50	17.50	12.00	15.00	5.00	230.00
Kv	P108CHIGRO	46.00	6.50	10.00	7.00	12.00	4.50	350.00
Kv	P106RJ	82.00	6.00	7.50	8.50	16.50	4.00	400.00
Kv	P90MEYUC	2.50	0.50	4.50	0.50	3.50	0.00	199.50
Kv	P95VCOAX	19.50	0.50	0.00	9.50	7.50	0.00	399.50
Kv	P71VCOAX	91.50	7.50	9.50	12.00	12.50	0.50	399.50
Kv	P70VCOAX	79.50	19.50	7.50	5.50	17.50	0.50	99.50
Kv	P66VCOAX	208.50	19.50	7.50	5.50	17.50	0.50	99.50

Kq	P13TEHPB	198.00	40.00	30.00	19.00	28.00	7.00	250.00
Kq	P21ZINPB	172.50	26.50	24.50	10.50	20.50	1.50	100.00
Kq	P23ZINPB	189.50	30.50	25.00	9.00	25.00	7.00	250.00
Kq	P25ZINPB	127.00	13.50	12.50	12.00	40.00	14.00	200.00
Kq	P37CHIGR	117.50	17.50	10.00	16.00	22.00	6.50	400.00
Kq	P47THOAX	60.50	4.50	12.50	17.50	14.00	0.50	205.00
Kq	P48THOAX	120.50	15.50	15.00	10.00	14.00	5.00	400.00
Kq	P49THOAX	13.50	2.50	4.50	5.00	11.50	0.50	399.50
Kq	P50THOAX	183.00	25.00	22.50	13.00	19.50	8.00	100.00
Kq	P51MXOAX	139.50	14.50	15.00	16.00	20.50	5.00	100.00
Kq	P61PCHAX	167.50	20.50	15.00	20.00	27.00	7.50	300.00
Kq	P65VCOAX	112.50	11.00	7.50	17.00	16.00	2.00	250.00
Kq	P108CHIGRO	75.00	25.00	7.50	11.00	17.50	12.00	300.00
Kq	P106RJ	53.00	5.50	15.50	10.00	11.00	2.00	204.00
Kq	P90MEYUC	114.50	10.50	4.50	5.00	13.50	0.00	399.50
Kq	P95VCOAX	35.00	2.00	5.00	8.00	9.00	0.50	300.00
Kq	P71VCOAX	86.50	9.50	9.50	17.50	20.50	0.50	299.50
Kq	P70VCOAX	93.00	5.00	3.50	7.00	6.00	0.00	300.00
Kq	P66VCOAX	51.00	5.00	5.00	12.00	17.00	0.50	300.00
Кр	P13TEHPB	175.00	27.00	20.00	12.50	17.50	10.50	400.00
Кр	P21ZINPB	188.00	25.00	15.00	10.50	22.50	9.00	300.00
Кр	P23ZINPB	189.00	26.00	12.50	8.50	17.50	9.00	300.00
Кр	P25ZINPB	148.00	27.00	12.50	20.50	67.50	12.50	200.00
Кр	P37CHIGR	112.50	13.50	10.00	16.50	15.00	4.00	100.00
Кр	P47THOAX	102.00	12.50	12.50	13.00	21.00	3.00	400.00
Кр	P48THOAX	113.50	12.50	15.00	6.50	13.50	3.50	300.00
Кр	P49THOAX	75.00	10.00	15.00	8.50	14.50	3.50	400.00
Кр	P50THOAX	110.50	11.00	15.00	9.50	18.00	3.50	350.00
Кр	P51MXOAX	67.50	12.50	19.50	8.50	16.50	5.50	399.50
Kp	P61PCHAX	102.50	12.50	19.50	13.50	21.50	5.50	99.50
Kp	P65VCOAX	25.50	3.50	2.50	12.50	11.00	0.50	59.00

Kp	P108CHIGRO	129.50	25.00	15.00	13.50	20.50	11.50	400.00
Кр	P106RJ	84.00	10.50	17.50	11.50	20.00	5.00	400.00
Kp	P90MEYUC	98.50	12.50	19.50	9.50	15.50	4.50	399.50
Kp	P95VCOAX	123.50	20.50	14.50	7.50	14.50	6.50	199.50
Kp	P71VCOAX	63.00	8.00	5.00	13.00	16.50	0.50	200.00
Kp	P70VCOAX	87.50	11.00	5.00	5.50	15.50	1.00	400.00
Кр	P66VCOAX	101.50	7.00	2.50	10.00	12.50	0.50	200.00
SN	Р13ТЕНРВ	170.50	20.00	20.00	11.00	16.00	4.00	300.00
SN	P21ZINPB	176.50	19.00	15.00	9.50	39.50	4.50	58.50
SN	P23ZINPB	175.50	17.00	15.00	5.50	18.50	4.00	350.00
SN	P25ZINPB	153.50	31.50	20.00	10.50	21.00	9.50	150.00
SN	P37CHIGR	137.00	13.50	17.50	18.50	22.00	4.00	210.00
SN	P47THOAX	130.00	20.00	15.00	15.50	27.00	6.50	400.00
SN	P48THOAX	102.50	16.50	17.50	18.00	26.00	4.00	400.00
SN	P49THOAX	113.00	14.00	15.00	21.50	16.00	3.50	200.00
SN	P50THOAX	117.50	11.00	10.00	9.00	15.00	3.50	196.50
SN	P51MXOAX	79.00	8.00	10.00	19.50	25.00	3.50	196.50
SN	P61PCHAX	90.50	4.50	10.00	11.50	16.50	1.00	111.00
SN	P65VCOAX	47.50	4.00	10.00	14.00	11.00	2.00	25.50
SN	P108CHIGRO	109.50	20.50	22.50	17.50	18.50	9.00	400.00
SN	P106RJ	87.00	11.50	12.50	12.00	16.50	2.00	400.00
SN	P90MEYUC	79.00	18.00	12.50	20.00	15.00	2.50	400.00
SN	P95VCOAX	110.50	12.00	12.50	9.00	13.00	3.00	206.50
SN	P71VCOAX	87.50	12.50	5.00	24.00	17.50	5.00	300.00
SN	P70VCOAX	63.00	8.00	5.00	7.50	22.50	2.00	54.00
SN	P66VCOAX	104.50	27.00	17.50	8.50	33.50	14.00	200.00
Testigo	P13TEHPB	186.00	20.00	25.00	11.50	21.50	8.00	350.00
Testigo	P21ZINPB	136.50	15.00	10.00	12.00	12.00	6.50	250.00
Testigo	P23ZINPB	167.00	17.00	35.00	16.00	13.00	9.50	205.50
Testigo	P25ZINPB	110.00	12.50	12.50	12.00	16.00	10.00	250.00
Testigo	P37CHIGR	99.50	15.50	15.00	12.50	24.50	6.50	56.50

Testigo	P47THOAX	149.50	26.00	12.50	18.00	22.00	8.50	400.00
Testigo	P48THOAX	72.50	15.50	17.50	8.50	15.00	6.00	400.00
Testigo	P49THOAX	111.50	25.50	19.50	5.50	16.50	8.50	399.50
Testigo	P50THOAX	43.50	3.00	6.50	5.00	6.00	1.00	350.00
Testigo	P51MXOAX	75.50	8.50	7.50	8.50	9.00	0.50	180.00
Testigo	P61PCHAX	56.50	6.50	14.50	11.50	15.50	2.50	99.50
Testigo	P65VCOAX	46.50	5.50	7.50	10.50	11.50	0.50	204.00
Testigo	P108CHIGRO	82.00	16.00	10.00	11.50	15.00	4.50	400.00
Testigo	P106RJ	50.00	14.00	15.00	14.50	16.50	3.50	400.00
Testigo	P90MEYUC	68.00	21.00	10.00	13.00	16.00	6.50	106.50
Testigo	P95VCOAX	13.50	0.50	0.00	4.50	12.50	0.00	399.50
Testigo	P71VCOAX	105.00	12.50	17.50	13.50	81.00	4.50	350.00
Testigo	P70VCOAX	119.50	9.00	5.00	6.00	20.50	2.50	300.00
Testigo	P66VCOAX	61.50	33.00	23.50	12.50	9.50	16.50	198.50

Trat: tratamiento; Gen: genotipo; *Kv*: *Klebsiella variicola; kq*: *Klebsiella quasipneumoniae; kp*: *Klebsiella pneumoniae;* SN: solución nutritiva; PFT: peso fresco de tallo; PFR: peso fresco de raíz; VR: volumen de raíz; PSH: peso seco de hoja; PST: peso seco de tallo; PSR: peso seco de raíz; NS: número de semillas.

## Peso fresco de tallo

La interacción de la cepa *Klebsiella variicola* con el genotipo P21ZINPB, se observó mayor valor promedio (231.50 cm), mientras que el genotipo P90MEYUC exhibió menor valor (2.50 cm). Al contrastar ambos valores, se observó 229 cm de variación en peso fresco de tallo.

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella* variicola por genotipos se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (48.3 a 94.1 g) y lo conformaron seis genotipos con mayor peso fresco de tallo, seguido del tercer intervalo de clase, y fue integrado por cinco genotipos (94.1 a 139.9 g), en el rango que fluctuó entre 185.7 a 231.5 fue conformado por cuatro genotipos; mientras que el cuarto intervalo de clase fue representado por el genotipo P13TEHPB (Figura 31<sub>a</sub>).

La interacción de *Klebsiella quasipneumoniae* por el genotipo P13TEHPB, se observó mayor promedio (198.0 g), caso contrario ocurrió con P49THOAX (13.50 g). Al comparar los valores extremos se detectó 184.50 g de variación en peso fresco de tallo entre genotipos de jitomate.

La interacción de *Klebsiella quasipneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el segundo (54.0 a 87.3 g), tercer (87.3 a 124.2 g) y quinto intervalo de clase (161.1 a 198 g), agrupado por cinco genotipos de jitomate, mientras que el primero y cuarto intervalo de clase fue agrupado por dos genotipos de jitomate (13.50 a 50.4 g) y (124.2 a 161.1 g) (Figura 32<sub>a</sub>).

La cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* al interaccionar con el genotipo P23ZINPB, se observó mayor promedio (189.0 g), mientras que P65VCOAX presentó menor valor promedio (23.50 g). Al comparar los valores extremos se detectó 165.5 g de variación en longitud de raíz entre genotipos de jitomate.

La interacción *Klebsiella pneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el tercer intervalo de clase (90.9 a 123.6 g), agrupado por ocho genotipos, seguido del segundo rango que osciló entre 58.2 a 90.9 g, agrupado por cinco genotipos, mientras que en el primer intervalo de clase (25.50 a 58.2 g), fue representado por un solo genotipo, el cuarto y quinto intervalo de clase se ubicaron por dos y tres genotipos (Figura 33<sub>a</sub>).

La solución nutritiva al interaccionar con los genotipos de jitomate, se observó mayor frecuencia en el tercer intervalo de clase (99.1 a 124.9 g) y lo conformaron seis genotipos, seguido del rango que fluctuó entre 73.3 a 99.1 g de peso fresco de tallo y conformado por cinco genotipos, mientras que el intervalo de clase primero y cuarto fueron integrados por dos genotipos y el quinto intervalo de clase (150.7 a 176.5 g) fue representado por los genotipos P25ZINPB, P13TEHPB, P23ZINPB Y P21ZINPB (Figura 34<sub>a</sub>).

La interacción del tratamiento testigo por genotipos, se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (48 a 82.5 g), y lo integraron siete genotipos, seguido del tercer intervalo (82.5 a

117 g) en la cual se ubicaron cuatro genotipos, mientras que el primer y cuarto intervalo de clase (13.50 a 48 y 117 a 151.5 g) fueron representados por tres genotipos al mostrar similar peso fresco de tallo, en cada intervalo de clase, mientras que los genotipos P23ZINPB y P13TEHPB se ubicaron en el quinto intervalo de clase (151.5 a 186 g) por presentar menor valor de peso fresco de tallo (Figura 35<sub>a</sub>).

#### Peso fresco de raíz

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por el genotipo P25ZINPB exhibió mayor valor promedio (73.50 g), mientras que los genotipos P90MEYUC y P95MEYUC se observó menor valor promedio (0.50 g). Al contrastar ambos valores, se detectó 73 g de variación en peso fresco de raíz.

La interacción de *Klebsiella variicola* con los genotipos de jitomate, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (0.50 a 15.1 g) para peso fresco de raíz y lo conformaron 14 genotipos, seguido del segundo intervalo de clase la cual fue integrado por cuatro genotipos (15.1 a 29.7 g), mientras que en los intervalos tres y cuatro no se ubicó ningún genotipo, en cambio en el intervalo de clase cinco fue representado por el genotipo P25ZINPB (Figura 36a).

La cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* al interaccionar con el genotipo P49THOAX, se observó menor valor promedio (2.50 g), caso contrario ocurrió con el genotipo P13TEHPB mismo que presentó mayor valor promedio (40.0 g), al comparar estos dichos valores extremos se detectó 37.50 g de variación en longitud de raíz entre genotipos de jitomate.

La interacción de *Klebsiella quasipneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (2.0 a 9.6 g), y lo representaron 14 genotipo, seguido del segundo intervalo de clase (9.6 a 17.2 g) agrupado por cinco genotipos de jitomate, mientras que en el tercer intervalo de clase (17.2 a 24.8 g) se integraron dos genotipos P37CHIGR, P61PCHAX, el cuarto

intervalo de clase (24.8 a 32.4 g) fue representado por cuatro genotipos y finalmente el quinto intervalo de clase (32.4 a 40.0 g) se ubicó el genotipo P13TEHPB (Figura 37<sub>a</sub>).

Al interaccionar la cepa bacteriana *Klebsiella pneumonia*e por el genotipo P65VCOAX, se observó menor valor promedio (3.50 g), en caso de P13TEHPB y P25ZINPB exhibieron el mayor valor promedio (27.0 g). Al comparar los valores extremos se detectó 23.5 g de variación de peso fresco de tallo entre genotipos de jitomate.

La interacción de la bacteria *Klebsiella pneumoniae* con los genotipos se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (8.2 a 12.9 g) y lo conformaron nueve genotipos, seguido el quinto intervalo de clase (22.3 a 27 g) integrado por cinco genotipos, mientras que en el primer intervalo de clase (3.50 a 8.2 g) se agruparon los genotipos P65VCOAX, P71VCOAX y P66VCOAX, los intervalos de clase tercero y cuarto fueron representados por los genotipos P37CHIGR y P95VCOAX (Figura 38<sub>a</sub>).

La interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate, se observó mayor frecuencia en el tercer intervalo de clase (15 a 20.5 g), y se agruparon siete genotipos, seguido del rango que osciló entre 9.5 a 15 g y fue conformado por P37CHIGR, P49THOAX, P50THOAX, P106RJ, P95VCOAX y P71VCOAX, en el caso del primer intervalo de clase (4.0 a 9.5 g) lo integraron los genotipos P51MXOAX, P61PCHAX, P65VCOAX y P70VCOAX, mientras que el quinto intervalo de clase (26-31.5 g) fue representado por P25ZINPB y P66VCOAX, finalmente en el cuarto intervalo de clase ningún genotipo se agrupó (Figura 39a).

La interacción del tratamiento testigo por el genotipo se observó mayor frecuencia en el tercer intervalo de clase (13.5 a 20 g) y se agruparon siete genotipos, en los intervalos de clase primero (0.5 a 0.7 g) y segundo (7 a 13.5 g) fueron representados por cuatro genotipos en cada rango, mientras que en el cuarto intervalo de clase (20 a 26.5 g), se agruparon tres genotipos y finalmente

el quinto intervalo de clase (26.5 a 33 g), fue conformado por el genotipo P66VCOAX (Figura 40a).

De acuerdo con Rojas *et al.* (2020) evaluaron cepas de *Bacillus* en plantas de zanahoria y reportaron en promedio 0.24 g de peso fresco de raíz al aplicar una cepa aislada de la rizosfera del cafeto (*Coffea arabica* L.) mientras que en este presente trabajo no aumento el peso fresco de raíz en el tratamiento testigo.

#### Volumen de raíz

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por el genotipo P25ZINPB, se observó mayor valor promedio (24.50 mL) en volumen de raíz, mientras que P95VCOAX exhibió menor valor promedio. Al contrastar los valores extremos, se detectó 24.50 mL de volumen e raíz entre genotipos.

La interacción de la bacteria *Klebsiella variicola* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (4.9 a 9.8 mL), y fue representado seguido el tercer intervalo de clase (9.8 a 14.7 ml), conformado por cinco genotipos, mientras que en el rango cuatro (20 a 26.5 g) y quinto (26.5 a 33 g) lo conformaron tres genotipos en cada intervalo de clase, en el caso del primer intervalo de clase (0.00 a 4.9 ml), fue representado por los genotipos P90MEYUC y P95VCOAX (Figura 41<sub>a</sub>).

La interacción de la bacteria *Klebsiella quasipneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (3.50 a 8.8 mL) y se agruparon los genotipos P49THOAX, P65VCOAX, P108CHIGRO, P90MEYUC, P95VCOAX, P70VCOAX, P66VCOAX, seguido de los intervalos de clase segundo (8.8 a 14.1 mL) y tercero (14.1 a 19.4 mL) integrado por cuatro genotipos para cada caso, mientras que el quinto intervalo de clase (24.7 a 30 mL) fue conformado por tres genotipos, finalmente el genotipo P13TEHPB se ubicó en el cuarto intervalo de clase (19.4 a 24.7 mL) respectivamente (Figura 42a).

La cepa bacteriana *Klebsiella pneumonie* al interaccionar con el genotipo P13TEHPB, presentó mayor valor promedio (20.0 mL), mientras que los genotipos P65VCOAX y P66VCOAX, exhibieron menor valor promedio (2.50 mL). Al comparar los valores extremos de ambos genotipos se observó 17.50 mL de variación en volumen de raíz.

Al interaccionar la bacteria *Klebsiella pneumonie* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el cuarto intervalo de clase (13 a 16.5 mL) misma que fue conformado por seis genotipos, seguido del quinto intervalo de clase (16.5 a 20 mL) y lo conformaron cinco genotipos, mientras que en el primer (2.50 a 6 mL) y tercer (9.5 a 13 mL) rango, se agruparon cuatro genotipos para cada caso, en el segundo rango (6 a 9.5 mL) ningún genotipo lo representó (Figura 43<sub>a</sub>).

La interacción del tratamiento solución nutritiva por genotipo se observó mayor frecuencia en el tercer intervalo de clase (12 a 15.5 mL) y lo conformaron siete genotipos, seguido de los intervalos de clase segundo (8.5 a 12 mL) y quinto (19 a 22.5 mL) lo integraron cuatro genotipos para cada suceso, mientras que en el primer y cuarto intervalo exhibieron similares genotipos en el rango de (50 a 8.5 mL) y (15.5 a 19 mL) (Figura 44<sub>a</sub>).

La interacción de tratamiento testigo por el genotipo P23ZINPB, se observó mayor valor promedio (35.0 mL), mientras que P95VCOAX exhibió menor valor promedio. Al contrastar ambos valores se detectó 35.0 mL de variación de volumen de raíz entre genotipos. La interacción del tratamiento testigo por genotipos se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (7 a 14 mL) y lo agruparon siete genotipos, seguido del rango que osciló entre 14 a 21 mL y fue integrado por seis genotipos, mientras que el genotipo P23ZINPB fue ubicado en el quinto intervalo de clase (28 a 35 mL), para el caso del intervalo tres fue representado por los genotipos P50THOAX, P95VCOAX y P70VCOAX, finalmente en el cuarto intervalo de clase (21 a 28 mL) se agruparon dos genotipos (Figura 45<sub>a</sub>).

Rocha *et al.* (2019) aplicaron la bacteria *Basillus subtilis* en el cultivo de papa y reportaron en promedio 32.83 mL de volumen de raíz, aunado a lo anterior las bacterias promotoras de crecimiento vegetal influyeron en una mayor expresión de volumen de raíz en ciertos genotipos de jitomate criollo.

## Peso seco de hoja

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por el genotipo P25ZINPB, se observó mayor valor promedio (74.50 g), mientras que el genotipo P90MEYUC exhibió menor valor (0.50 g). Al contrastar ambos valores, se detectó 74 g de variación en peso seco de hoja. La interacción de la cepa bacteriana por genotipos, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (0.50 a 15.3 g) y fue conformado por 16 genotipos seguido del segundo intervalo de clase (15.3 a 30.1 g) agrupado por P48THOAX y P37CHIGR, mientras que el tercero y cuarto intervalo de clase no hubo genotipos, para representarlo. En el caso del quinto intervalo de clase (59.7 a 74.5 g) fue ubicado P25ZINPB (Figura 46a).

La interacción de la bacteria *Klebsiella quasipneumoniae* con los genotipos de jitomate criollo, observó mayor frecuencia en el segundo (8 a 11 g) y quinto (17 a 20 g) intervalo de clase y fueron agrupados por cinco genotipos para cada caso, mientras que el primer intervalo de clase (5.00 a 8 g) fue conformado por P23ZINPB, P49THOAX, P90MEYUC y P95VCOAX, mientras que el tercer intervalo de clase (11 a 14 g) integrado por tres genotipos, en cambio en el cuarto intervalo de clase ubicaron por los genotipos P65VCOAX y P108CHIGRO (Figura 47<sub>a</sub>).

La cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* al interaccionar con el genotipo P25ZINPB, se observó mayor valor promedio (20.50 g), caso contrario ocurrió con P70VCOAX genotipo que presentó menor valor (5.50 g). Al contrastar los valores extremos de ambos genotipos se detectó 15 g de variación en peso seco de hoja entre genotipos de jitomate.

La interacción *Klebsiella pneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en los intervalos de clase primero y tercero intervalo de clase (5.50 a 8.5 g) y (11.5 a 14.5 g) y en cada intervalo fue agrupado por seis genotipos, seguido del segundo intervalo de clase (8.5 a 11.5 g) representado por P23ZINPB, P49THOAX, P50THOAX y P51MXOAX, mientras que el cuarto intervalo de clase (14.5 a 17.5 g) fue agrupado por dos genotipos y el genotipo P25ZINPB fue ubicado en el quinto intervalo de clase (17.5 a 20.5 g) respectivamente (Figura 48<sub>a</sub>).

La interacción del tratamiento solución nutritiva con el genotipo P71VCOAX, exhibió mayor valor promedio (24.0 g), caso contrario ocurrió con el genotipo P23ZINPB. Al contrastar los valores extremos de los genotipos, se detectó 18.5 g de variación en peso seco de hoja entre genotipos de jitomate.

La solución nutritiva al interaccionar con los genotipos de jitomate, se observó mayor frecuencia en el primero, segundo y tercero intervalo de clase (5.50 a 9.2, 9.2 a 12.9 y 16.6 a 20.3 g) y para cada caso fue conformado por cinco genotipos, mientras que el tercer y quinto intervalo de clase fue agrupado por los genotipos P47THOAX, P65VCOAX, P49THOAX y P71VCOAX (Figura 49<sub>a</sub>).

La interacción del tratamiento testigo con el genotipo, se detectó P47THOAX, se observó mayor valor promedio (18.0 g), mientras que el genotipo P95VCOAX exhibió menor promedio (4.50 g), al comparar ambos valores se observó 13.5 g de variación en peso seco de hoja entre genotipos. La interacción del tratamiento testigo por genotipos, se detectó mayor frecuencia en el tercer intervalo de clase (9.9 a 12.6 g), y fue representado por seis genotipos, seguido del cuarto intervalo de clase (12.6 a 15.3 g), mientras que el segundo intervalo de clase (7.2 a 9.9 g) y quinto (15.3 a 18 g) intervalo de clase, fue conformado por dos genotipos, mientras que P49THOAX, P50THOAX, P95VCOAX y P70VCOAX, se agruparon en el primer intervalo de clase (4.50 a 7.2 g) respectivamente (Figura 50a).

## Peso seco de tallo

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por el genotipo P25ZINPB presentó el mayor valor promedio (58.50 g), caso contrario ocurrió con el genotipo PMEYUC90 (3.50 g).

La interacción de la bacteria *Klebsiella variicola* con los genotipos, se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (14.5 a 25.5 g) para el caso del peso seco de tallo, misma que fue integrado por 13 genotipos, seguido del primer intervalo de clase (3.50 a 14.5 g) agrupado por P90MEYUC, P95VCOAX, P71VCOAX y P108CHIGRO, mientras que en el tercer intervalo de clase, el rango osciló entre (25.5 a 36.5 g,) y el quinto intervalo de clase (47.5 a 58.5 g) fue agrupado por un genotipo, en cambio, el cuarto rango fluctuó entre 36.5 a 47.5 g y no hubo genotipos que lo representaran (Figura 51<sub>a</sub>).

La interacción de la *Klebsiella quasipneumoniae* con los genotipos, se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (12.8 a 19.6 g) misma que fue integrado por siete genotipos de mayor peso seco de tallo, seguido por el tercer intervalo de clase (19.6 a 26.4 g) y agrupado por cinco genotipos, mientras que el primer intervalo de clase (6.0 a 12.8 g) fue conformado por P49THOAX, P106R, P95VCOAX y P70VCOAX. Para el caso del cuarto intervalo solo se agruparon dos genotipos, mientras que el quinto intervalo de clase (33.2 a 40 g) fue representado por P25ZINPB (Figura 52a).

La cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* al interaccionar con el genotipo P25ZINPB, se observó mayor valor promedio (57.50 g), caso contrario ocurrió en el genotipo P65VCOAX (11.0 g). Al contrastar ambos valores se detectó 47.50 g de variación entre genotipos.

La interacción de *Klebsiella pneumoniae* con los genotipos, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (11.0 a 22.3 g) y fue integrado por 17 genotipos, seguido por el segundo (22.3 a 33.6 g) y quinto (56.2 a 67.5 g) intervalo de clase, en cada caso fue representado por un

genotipo, mientras que en el tercero y cuarto rango (33.6 a 44.9 g y 44.9 a 56.2 g) no hubo genotipos que lo representaran (Figura 53).

La interacción del tratamiento de la solución nutritiva con los genotipos de jitomate, se observó mayor valor promedio (39.50 g) en P21ZINPB, caso contrario ocurrió en el genotipo P65VCOAX exhibiendo (11.0 g) este último exhibió menor peso seco de tallo. Al contrastar los valores extremos se detectó 29.50 g de variación entre genotipos de jitomate.

El tratamiento solución nutritiva al interaccionar con los genotipos, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (11.0 a 16.7 g) y fue conformado por ocho genotipos, seguido del segundo rango que fluctuó entre 16.7 a 22.4 g, y lo integraron cinco genotipos, mientras que P47THOAX, P48THOAX, P51MXOAX, P70VCOAX se ubicaron en el rango de 22.4 a 28.1 g, en cambio en los intervalos de clase cuarto (28.1 a 33.8 g) y quinto (33.8 a 39.5 g) fue representado por un genotipo en cada caso (Figura 54a).

La interacción tratamiento testigo con los genotipos de jitomate, se observó menor promedio en P50THOAX (6.0 g) mientras que P37CHIGR exhibió mayor valor promedio (24.50 g). Al contrastar los valores extremos, se detectó 18.5 g de variación en peso seco de tallo de los genotipos.

Al interaccionar el tratamiento testigo con los genotipos, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (6.0 a 21 g) y fue integrado por 17 genotipos de jitomate, seguido del segundo intervalo de clase (21 a 36 g) representado por P71VCOAX, mientras que en el tercero y cuarto rango (36 a 51 y 51 a 66 g) no hubo genotipos que lo representaran en cada caso; en cambio el quinto rango osciló entre (66 a 81 g) y fue integrado por un genotipo de jitomate. (Figura 55<sub>a</sub>). Luna *et al.* (2013) estudiaron rizobacterias aisladas de plantas de tomate, dichos autores reportaron 208 mg de peso seco, en la presente investigación se detectó mayor promedio, los resultados difieren con los reportados por Luna *et al.* (2013).

## Peso seco de raíz

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por el genotipo P25ZINPB, se observó mayor valor promedio (48.50 g), caso contrario ocurrió con los genotipos P90MEYUC y P95VCOAX donde no exhibieron ningún valor promedio.

La interacción de la bacteria *Klebsiella variicola* con los genotipos se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (0.0 a 9.7 g) y fue integrado por 17 genotipos, mientras que el segundo (9.7 a 19.4 g) y quinto (38.8 a 48.5 g) intervalo de clase, solo se agrupo un genotipo en cada caso (P23ZINPB y P25ZINPB), mientras que los intervalos de clase tercero (19.4 a 29.1 g), cuarto (29.1 a 38.8 g) y quinto (38.8 a 48.5 g) no hubo genotipo con similar peso seco de raíz (Figura 56a).

La interacción de la bacteria *Klebsiella quasipneumoniae* interaccionó con P25ZINPB y produjo mayor peso seco de raíz (14.0 g), mientras que los genotipos P47THOAX, P49THOAX, P95VCOAX, P71VCOAX y P66VCOAX exhibieron similar peso seco de raíz (0.50), en cambio P90MEYUC y P70VCOAX presentaron menor valor promedio. Al contrastar los valores extremos se detectó 4.0 g de variación en peso de raíz.

La interacción de la bacteria *Klebsiella quasipneumoniae* por el genotipo, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (0.00 a 2.8 g) y fue integrado por 10 genotipos que exhibieron menor peso seco de raíz, seguido del tercer intervalo de clase (5.6 a 8.4 g), los rangos que oscilaron entre 2.8 a 5.6 y 11.2 a 14, presentaron el menor peso seco de raíz y en el cuarto intervalo de clase (8.4 a 11.2 g) no hubo genotipo para representar este grupo (Figura 57<sub>a</sub>).

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* con los genotipos, se observó mayor frecuencia en el segundo intervalo de clase (2.9 a 5.3 g) y fue agrupado por siete genotipos, seguido del primer intervalo de clase (0.50 a 2.9 g), integrado por cuatro genotipos, mientras que el tercer intervalo de clase (5.3 a 7.7 g) de peso seco de raíz lo integraron los genotipos P51MXOAX,

P61PCHAX y P95VCOAX y quinto intervalo de clase (10.1 a 12.5 g) fue conformado por P13TEHPB, P25ZINPB, P108CHIGRO, el cuarto intervalo de clase (7.7 a 10.1 g) lo representaron los genotipos P21ZINPB y P23ZINPB fueron los que exhibieron menor peso seco de raíz.

La solución nutritiva al interaccionar con los genotipos de jitomate, se observó mayor valor promedio (14.0 g) en el genotipo P66VCOAX, caso contrario ocurrió en el genotipo P61PCHAX exhibió menor valor (1.0 g). Al contrastar ambos valores se detectó 13 g de variación de peso seco de raíz.

La solución nutritiva al interaccionar con los genotipos de jitomate, se observó mayor frecuencia en el primer intervalo de clase (1.0 a 3.6 g) y fue conformado, por nueve genotipos, seguido del rango 3.6 a 6.2 g de peso seco de raíz e integrado por seis genotipos, el cuarto intervalo de clase (8.8 a 11.4 g) fue representado por P108CHIGRO y P66VCOAX, mientras que el tercer (6.2 a 8.8 g) y quinto (11.4 a 14 g) intervalo de clase se agrupo un genotipo en cada caso (Figura 59a). La interacción del tratamiento testigo por genotipos, se observó mayor valor promedio (16.50 g) en P66VCOAX, mientras que el genotipo P95VCOAX exhibió menor valor promedio, al contrastar

ambos valores de los genotipos se detectó variación de 16.50 g en peso seco de raíz entre los

genotipos de jitomate.

La interacción del tratamiento testigo por genotipos, se observó mayor frecuencia en el (segundo) intervalo de clase (3.7 a 6.9 g) y fue agrupado por siete genotipos, seguido del primer intervalo de clase (0.50 a 3.7 g) mientras que en el tercer intervalo de clase (6.9 a 10.1 g) lo representaron cinco genotipos de jitomate, el genotipo P66VCOAX fue ubicado en el quinto intervalo de clase (13.3 a 16.5 g) y presentó mayor peso seco de raíz, en el cuarto rango no hubo genotipos de jitomate con valor promedio que osciló entre 10.1 a 13.3 g (Figura 60<sub>a</sub>).

Rodríguez *et al.* (2013) inocularon rizobacterias en plantas de melón y reportaron 18.3 g de peso seco de raíz con la cepa Microbacterium y sin la cepa el promedio fue de13.3 g. Cabe mencionar

que la bacteria promotora de crecimiento vegetal incrementó el peso seco de raíz. Resultados similares fueron observados al aplicar cepas bacterianas en genotipos de jitomate.

Malusa *et al.* (2007) inocularon cinco especies de bacterias del genero *Glomus* en plantas de fresa y reportaron en promedio 14 g de peso seco de raíz y donde no aplicaron bacteria disminuyó dicho promedio. Resultados similares fueron observados al inocular el consorcio de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* en plantas de jitomate.

#### Número de semillas

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella variicola* por los genotipos P13TEHPB y P106RJ exhibieron mayor valor promedio (400 semillas), caso contrario ocurrió con los genotipos P70VCOAX y P66VCOAX mismos que presentaron menor valor promedio (99.50 semillas). Al comparar los valores extremos se detectó variación de 300.5 semillas entre genotipos.

La interacción *Klebsiella variicola* por genotipos, se observó mayor frecuencia en el quinto intervalo de clase (339.9 a 400 semillas) y fue agrupada por ocho genotipos, seguido del segundo rango que osciló entre 159.6 a 219.7 semillas, y se ubicaron en este grupo los genotipos P49THOAX, P50THOAX, P51MXOAX, P61PCHAX y P90MEYUC, mientras que el primer intervalo de clase (99.50 a 159.6 semillas), se agruparon por tres genotipos de jitomate, el rango que fluctuó de 219.7 a 279.8 semillas fue representado por P48THOAX y P65VCOAX, mientras que P37CHIGR fue el único que se integró el cuarto intervalo de clase (279 a 339.9 semillas) respectivamente (Figura 61<sub>a</sub>).

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella quasipneumoniae* por los genotipos P37CHIGR y P48THOAX presentaron mayor promedio (400 semillas), caso contrario ocurrió en P21ZINPB, P50THOAX y P51MXOAX, genotipos que exhibieron menor valor promedio (100 semillas). Al comparar los valores extremos de ambos genotipos, se observó variación de 300 semillas entre genotipos de jitomate.

La interacción de la bacteria *Klebsiella quasipneumoniae* por genotipo, se observó mayor frecuencia en el cuarto intervalo de clase (280 a 340 semillas) y fue integrado por seis genotipos, seguido del quinto intervalo de clase (340 a 400 semillas) conformado por P37CHIGR, P48THOAX, P49THOAX y P90MEYUC, mientras que el primero, segundo y tercero intervalo de clase (rango uno, dos y tres) se agruparon tres genotipos en cada caso, cabe mencionar que dichos promedios de los genotipos fueron los menos frecuentes (Figura 62<sub>a</sub>).

La interacción de la cepa bacteriana *Klebsiella pneumoniae* con los genotipos, se observó mayor valor promedio (400 semillas) en seis genotipos, mientras que P65VCOAX se detectó menor valor promedio (59.0 semillas). Al contrastar los valores extremos de ambos genotipos se detectó variación de 341 semillas, lo cual indica que el efecto del consorcio bacteriano interacciona de manera diferencial con los genotipos de jitomate.

La interacción de *Klebsiella pneumoniae* con los genotipos, se observó mayor frecuencia en el quinto intervalo de clase (331.8 a 400 semillas) y lo conformaron nueve genotipos, el rango que osciló entre 195.4 a 263.6 semillas fue integrado por cuatro genotipos de jitomate, el primero (59 a 127.2 semillas) y tercero (263.6 a 331.8 semillas) intervalo de clase fue conformado por tres genotipos, en cada caso, mientras en el segundo intervalo de clase (160 a 220 semillas) no hubo genotipo de jitomate para representar al grupo (Figura 63<sub>a</sub>).

La interacción de la solución nutritiva por genotipo, se observó mayor frecuencia en el tercero de clase (175.3 a 250.2 semillas) y el quinto (325.1 a 400 semillas) intervalo de clase, integrado por seis genotipos en cada caso, seguido del primer rango que osciló entre 25.50 a 100.4 semillas y fue agrupado por tres genotipos, mientras que en los intervalos de clase segundo (100 a 175.3 semillas) y cuarto (250 a 325.1 semillas) se integraron dos genotipos en cada rango (Figura 64a).

La interacción del tratamiento testigo por el genotipo, se observó mayor valor promedio (400 semillas) en los genotipos P47THOAX, P48THOAX, P108CHIGR y P106RJ, caso contrario

ocurrió en P37CHIGR (56.50 semillas) genotipo menor promedio, y al contrastar los valores extremos se detectó de 343.50 semillas de variación entre los genotipos de jitomate.

La interacción del tratamiento testigo por genotipos, se observó mayor frecuencia en el quinto intervalo de clase (331.3 a 400 semillas) y fue conformado por nueve genotipos de jitomate que produjeron mayor número de semillas por fruto, seguido del tercer intervalo de clase (193.9 a 262.6 semillas) integrado por cinco genotipos, mientras que los intervalos de clase segundo (125.2 a 193.9) y cuarto (262.2 a 331.3 semillas) fue representado por un genotipo, mientras que el primer intervalo de clase fluctuó entre entre 56.50 a 125.2 semillas, y fue conformado por P37CHIGR, P61PCHAX y P90MEYUC, dicho material genético pueden considerarse como los menos productivos de semillas por fruto (Figura 65a).

Flores *et al.* (2017) aplicaron 25 % de solución nutritiva en secciones de tomates silvestres y reportaron 197 semillas en *Solanum pennellii*, mientras que en el tratamiento testigo observaron menor número de semillas. Cabe mencionar que la solución nutritiva no favoreció la producción de semillas por accesión, se observaron resultados diferentes al aplicar solución nutritiva en los genotipos de jitomates criollo.

# **Conclusiones**

La interacción tratamientos por genotipos favoreció en los caracteres días a floración, peso fresco de fruto, longitud de raíz, peso fresco de raíz, volumen de raíz y número de semillas por genotipos de jitomate. Los tratamientos *Klebsiella variicola, Klebsiella quasipneumoniae, Klebsiella pneumoniae*, solución nutritiva y testigo, afectaron de manera diferencial la expresión genética de los genotipos. Los genotipos P13TEHPB, P21ZINPB, P23ZINPB, P49THOAX, P50THOAX, P51MXOAX y P25ZINPB fueron tardíos en días a floración. La inoculación las cepas bacterianas *Klebsiella quasipneumoniae y Klebsiella pneumoniae* favorecieron la longitud de raíz de los genotipos P23ZINPB y P13TEHPB.

La diversidad genética existente en los genotipos de jitomates criollos, permite identificar la expresión del potencial genético al interaccionar con los consorcios bacterianos durante el crecimiento y desarrollo de las plantas, características agronómicas y componentes de rendimiento de fruto y semillas de calidad.

# **Agradecimientos**

Al CONACYT por otorgarme una beca para desarrollar el presente trabajo de investigación, a la Maestría de Ciencias Agropecuarias y Ambientales y Gestión Local por haberme permitido desarrollarme académicamente.

#### Literatura citada

Agudelo-Agudelo A. G, Ceballos-Aguirre N, Javier-Orozco F. 2011. Caracterización morfológica del tomate tipo cereza *Solanum lycopersicum* Linnaeus. Agronomía 19: 44-53 https://www.cabi.org/isc/FullTextPDF/2013/20133297549.pdf

Álvarez-Hernández J. C, Cortés-Madrigal H, García-Ruiz I. 2009. Exploración y caracterización de poblaciones silvestres de jitomate (Solanaceae) en tres regiones de Michoacán, México. Revista Polibotánica 28: 139-159. <a href="http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S1405-27682009000200007">http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S1405-27682009000200007</a>

Delgado-Vargas V. A, Magdaleno-Villar J. J, Ayala-Garay O. J, Garfias-Sánchez D. 2018. Calidad de semillas de tres variedades nativas y una comercial de tomate producidas bajo temperaturas altas. Revista Chapingo serie Horticultura 24 (3): 215-227. https://revistas.chapingo.mx/horticultura/?section=articles&subsec=issues&numero=260&articul o=2528

Eskin N., Vessey K. and Tian L. 2014. Research progress and perspectives of nitrogen fixing bacterium, *Gluconacetobacter diazotrophicus*, in monocot plants. International Journal of Agronomy. 208-383. <a href="http://downloads.hindawi.com/journals/ija/2014/208383.pdf">http://downloads.hindawi.com/journals/ija/2014/208383.pdf</a>

Espinosa-Palomeque B, Moreno-Reséndiz A., Cano-Ríos P., Álvarez-Reyna Vicente de Paul, Sáenz-Mata J., Sánchez-Galván H. y González-Rodríguez G. 2017. Inoculación de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal en tomate (*Solanum lycopersicum* L.) cv. Afrodita en invernadero. Terra Latinoamericana 35: 169-178. <a href="http://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v35n2/2395-8030-tl-35-02-00169.pdf">http://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v35n2/2395-8030-tl-35-02-00169.pdf</a>

Francisco-Francisco N, Ortega-Ortiz H, Benavides-Mendoza A., Ramírez H, Fuentes-Lara L. O., Robledo-Torres V. 2012. Inmovilización de *Trichoderma harzianum* en hidrogeles de quitosano y su uso en tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Terra Latinoamericana 30: 47-57. https://www.redalyc.org/pdf/573/57324651006.pdf

García E. 2004 Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen. Quinta edición.

UNAM. México, D. F. 90 p.

http://www.publicaciones.igg.unam.mx/index.php/ig/catalog/view/83/82/251-1

García-González, M M., Farías-Rodríguez R., Peña-Cabriales, J. J., Sánchez-Yáñez, J. M. 2005. Inoculación del trigo var. Pavón con *Azospirillum* spp. y *Azotobacter beijerinckii*. Terra Latinoamericana 23 1 65-72. <a href="https://www.redalyc.org/pdf/573/57323109.pdf">https://www.redalyc.org/pdf/573/57323109.pdf</a>

Gómez-Dorantes N, Carreón-Abud Y, Fernández-Pavía S. P. 2008. Reducción de la susceptibilidad a *Phytophthora capsici* Leonian causante de la pudrición de raíz en jitomate (*Solanum lycopersicum* L.). Facultad de Biología de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo 10:100-108.

https://www.researchgate.net/publication/255950743\_Reduccion\_de\_la\_susceptibilidad\_a\_Phyto

phthora capsici Leonian causante de la pudricion de raiz en jitomate Solanum lycopersicu m/link/00b49529037520c152000000/download

Grandilio S, Hsin Mei K. y Tanksley S. D. 1996. Characterization of a major QTL influencing fruit shape in tomato. Molecular Breeding 2: 251-260. <a href="https://doi.org/10.1007/BF00564202">https://doi.org/10.1007/BF00564202</a>

Grandilio S. and Tanksley S. 2004. The genetic developmental and molecular bases of fruit size and shape variation in Tomato. The Plant Cell 16: 181–189. Doi:10.1093/jxb/eri057

Holtan E. E, Hake S. 2003. Quantitative trait locus analysis of leaf dissection in Tomato using *Lycopersicon pennellii* segmental introgression lines. Department of plant and microbial biology 165: 1541-1550. https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf

Jenkins J. A. 1948. The origin of the cultivated tomato. Economic Botany 2: 379-392. https://link.springer.com/article/10.1007%2FBF02859492

Jones J. B. Jr. 2007. Tomato Plant culture: in the field, greenhouse, and home garden, CRC Press, Boca Raton, Florida. USA. 199 p.

Juarez-Maldonado A, Del Alba-Romenus K, Zermeño-Gonzalez A, Ramírez H, Benavides-Mendoza A. 2015. Análisis de crecimiento del cultivo de tomate en invernadero. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 6: 943-954. <a href="https://www.researchgate.net/publication/278020044">https://www.researchgate.net/publication/278020044</a> Analisis de crecimiento del cultivo de t

omate\_en\_invernadero\_Growth\_analysis\_of\_tomato\_in\_greenhouse

Loredo-Osti C, Beltrán L. S. y Barrón C. J. L. 1998. Reconversión de áreas agrícolas marginales a uso pecuario con módulos forrajeros. Pub. Téc. 10. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias Campo Experimental Palma de la Cruz. San Luis Potosí, San Luis Potosí, México. 197 pp. <a href="http://www.inifapcirne.gob.mx/Biblioteca/Publicaciones/764.pdf">http://www.inifapcirne.gob.mx/Biblioteca/Publicaciones/764.pdf</a>

Luna-Martínez L., Martínez-Peniche R. A., Hernández-Iturriaga M., Arvizu-Medrano S. M. y Pacheco-Aguilar J. R. 2013. Caracterización de rizobacterias aisladas de tomate y su efecto en el crecimiento de tomate y pimiento. Revista Fitotecnia Mexicana 36 (1): 63–69. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S0187-73802013000100007

Mehnaz S. 2015. *Azospirillum*: A biofertilizer for every Crop. En: Plant Microbes Symbiosis: Applied Facets. Arora N.K. (Ed.). Springer, India. Pp. 297-313.

Peralta I. E. and D. M. Spooner. 2007. History, origin and early cultivation of tomato (Solan*ace*ae). In: M. K. Razdan and A. K. Mattoo (Eds). Genetic Improvement of Solanaceous Crops. Vol. 2 Tomato. Science Publishers. New Hampshire, USA. pp 1-24. https://vcru.wisc.edu/spoonerlab/pdf/Peralta%20and%20Spooner%20vol.2.pdf

Qiao J, Yu X, Liang X, Liu Y, Borriss R, Liu Y. 2017. Addition of plant-growth-promoting *Bacillus subtilis* PTS-394 on tomato rhizosphere has no durable impact on composition of root microbiome. Qiao *et al.* BMC Microbiology 17:131. https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-017-1039-x

Restrepo-Salazar E. F., Vallejo-Cabrera F. A, Lobo A. M. 2008. Fenología de la floración en tomate cultivado y especies silvestres relacionadas. Acta Agronómica 57 (2): 1-5. <a href="http://www.scielo.org.co/pdf/acag/v57n2/v57n2a02.pdf">http://www.scielo.org.co/pdf/acag/v57n2/v57n2a02.pdf</a>

Rick, C. M. and Fobes J. F. 1975. Allozyme variation in the cultivated tomato and closely related species. *Bulletin of the Torrey Botanical Club* 102:376-384

Rocha N, Claros M, Calisaya J. J, Ortuño N. 2019. Selección de bacterias endófitas tipo *Bacillus* como promotoras de crecimiento en el cultivo de papa variedad Huaycha (*Solanum tuberosum* subsp. Andigena). Revista Latinoamericana de la Papa. 23 1: 14 – 34. https://www.lens.org/lens/scholar/article/145-902-759-450-244/main

Rojas-Badía M. M, Bello-González M. A., Ríos-Rocafull Y, Lugo-Moya D, y Rodríguez-Sánchez J. 2020. Plant growth promotion of commercial vegetable crops by Bacillus strains. Acta Agronómica 69: 1 54-60. <a href="https://doi.org/10.15446/acag.v68n4.79606">https://doi.org/10.15446/acag.v68n4.79606</a>

Sánchez-López D. B, Gómez-Vargas R. M, Garrido-Rubiano M. F, Bonilla-Buitrago R. R. 2013. Inoculación con bacterias promotoras de crecimiento vegetal en tomate bajo condiciones de invernadero. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 3: 1401-1415. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S2007-09342012000700009

Santillana N, Arellano C, Zúñiga D. 2005. Capacidad del *Rhizobium* de promover el crecimiento en plantas de tomate (*Lycopersicon esculentum* M.). Ecología Aplicada 4: 47-51. <a href="http://www.scielo.org.pe/pdf/ecol/v4n1-2/a07v4n1-2.pdf">http://www.scielo.org.pe/pdf/ecol/v4n1-2/a07v4n1-2.pdf</a>

Urbina-Sánchez E, Baca-Castillo G. A, Núñez-Escobar R, Colinas-León M. T, Tijerina-Chávez L, Tirado-Torres J. L. 2006. Cultivo hidropónico de plántulas de jitomate en zeolita cargada con K+, Ca2+ O Mg2+ y diferente granulometría. Agrociencia 40: 419-429. <a href="http://www.colpos.mx/agrocien/Bimestral/2006/jul-ago/art-1.pdf">http://www.colpos.mx/agrocien/Bimestral/2006/jul-ago/art-1.pdf</a>

Vallejo-Cabrera F. A, Pava J H, Vargas J. A, Arango A. P. A. 1994. Caracterización morfo agronómica de especies y variedades botánicas del género *Lycopersicon*. Acta agronómica 44: 37-50. <a href="https://revistas.unal.edu.co/index.php/acta\_agronomica/article/view/15554/16308">https://revistas.unal.edu.co/index.php/acta\_agronomica/article/view/15554/16308</a>

Van Der Knaap E, Lippman Z. B, Tanksley S. D. 2002. Extremely elongated tomato fruit controlled by four quantitative traitloci with epistatic interactions. Theoretical and Applied Genetics 104: 241-247. DOI: 10.1007 / s00122-001-0776-1

Van der Knaap E. and S. D. Tanksley. 2003. The making of a bell pepper-shaped tomato fruit: identification of loci controlling fruit morphology in yellow stuffer tomato. Theor Appl Genet. 107:139–147. DOI 10.1007/s00122-003-1224-1

# **CONCLUSIONES GENERALES**

Las poblaciones nativas de jitomate exhibieron diferentes características agronómicas y morfológicas esto permitió conocer la capacidad de la planta que tiene, y así mismo pueda generarse o tolerar alguna modificación genética.

Al inocular cepas bacterianas promotoras de crecimiento de raíz en plantas de jitomate favorecieron algunos genotipos, siendo esta una alternativa para producir frutos con características deseables que puedan permitir crear nuevos materiales genéticos y así mejorar el medio ambiente.

Los genotipos que sobresalieron al ser inoculados con bacterias promotoras de crecimiento fueron el genotipo P61PCHAX siendo este más precoz en días a floración, en longitud de raíz el genotipo que fue favorecido fue P48THOAX, en la variable volumen de raíz P23ZINPB, P13TEHPB, P25ZINPB, en peso fresco de raíz los genotipos P25ZINPB, P13TEHPB Y P66VCOAX.

# LITERATURA GENERAL

Agudelo-Agudelo A. G, Ceballos-Aguirre N, Javier-Orozco F. 2011. Caracterización morfológica del tomate tipo cereza *Solanum lycopersicum* Linnaeus. Agronomía 19: 44-53 <a href="https://www.cabi.org/isc/FullTextPDF/2013/20133297549.pdf">https://www.cabi.org/isc/FullTextPDF/2013/20133297549.pdf</a>

Álvarez-Hernández J. C, Cortés-Madrigal H, García-Ruiz I. 2009. Exploración y caracterización de poblaciones silvestres de jitomate (Solanaceae) en tres regiones de Michoacán, México. Revista Polibotánica 28: 139-159. <a href="http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S1405-27682009000200007">http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S1405-27682009000200007</a>

Brisse S, Grimont F. 2006. El género *Klebsiella* en los prokaryotes: un Manual de la Biología de bacterias, *Klebsiella* 3ª edición, vol. 6: 159-196. Editado por M. Dworkin, S. Falkow, E. Rosenberg, K.-H. Schleifer y E. Stackebrandt. Nueva York: Springer.

Carcaño-Montiel M. G., R. Ferrera-Cerrato, J. Pérez-Moreno, J. D. Molina-Galán y Bashan Y. 2006. Actividad nitrogenasa, producción de hormonas, sideróforos y antibiosis en cepas de *Azospirillum* y *Klebsiella* aisladas de maíz y teocintle. Terra Latinoamericana 24: 493-502. <a href="https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=57324407">https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=57324407</a>

Delgado-Vargas V. A, Magdaleno-Villar J. J, Ayala-Garay O. J, Garfias-Sánchez D. 2018. Calidad de semillas de tres variedades nativas y una comercial de tomate producidas bajo temperaturas altas. Revista Chapingo serie Horticultura 24 (3): 215-227. https://revistas.chapingo.mx/horticultura/?section=articles&subsec=issues&numero=260&articul o=2528

Dell'Amico J. M, Fernández F. N. E., López L. F., Sánchez-Blanco M. J. 2007. Respuesta fisiológica del tomate a la aplicación de dos inoculantes a base de glomus sp (INCAM 4) por dos vías de inoculación diferentes. Cultivos Tropicales 28 (2): 51-58. <a href="https://www.redalyc.org/pdf/1932/193217731007.pdf">https://www.redalyc.org/pdf/1932/193217731007.pdf</a>

Díaz-Vargas P., R. Ferrera-Cerrato, J. J. Almaraz-Suárez., Alcántara-González G. 2001. Inoculación de bacterias promotoras del crecimiento en lechuga. Terra Latinoamericana 19:327-335. https://www.redalyc.org/pdf/573/57319405.pdf

Elbeltagy A., K. Nishioka, T. Sato, H. Suzuki, B. Ye, T. Hamada, T. Isawa, y H. Mitsui, K. Minamisawa. 2001. Endophytic colonization and in planta Nitrogen Fixation by a *Herbaspirillum* sp. isolated from wild rice species. Applied and Environmental Microbiology 67:5285-5293.

Eskin N., Vessey K. and Tian L. 2014. Research progress and perspectives of nitrogen fixing bacterium, *Gluconacetobacter diazotrophicus*, in monocot plants. International Journal of Agronomy. 208-383. http://downloads.hindawi.com/journals/ija/2014/208383.pdf

Espinosa-Palomeque B, Moreno-Reséndiz A., Cano-Ríos P., Álvarez-Reyna Vicente de Paul, Sáenz-Mata J., Sánchez-Galván H. y González-Rodríguez G. 2017. Inoculación de rizobacterias promotoras del crecimiento vegetal en tomate (*Solanum lycopersicum* L.) cv. Afrodita en invernadero. Terra Latinoamericana 35: 169-178. <a href="http://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v35n2/2395-8030-tl-35-02-00169.pdf">http://www.scielo.org.mx/pdf/tl/v35n2/2395-8030-tl-35-02-00169.pdf</a>

Esquinas-Alcázar, J. T. y Nuez, V. F. 1995. Situación taxonómica, domesticación y difusión del tomate. El Cultivo del tomate. Mundi Prensa. Madrid, España. p. 16-19.

file:///C:/Users/94364/Downloads/Anlisisdecrecimientodelcultivodetomateeninvernadero.pdf

Francisco-Francisco N, Ortega-Ortiz H, Benavides-Mendoza A., Ramírez H, Fuentes-Lara L. O, Robledo-Torres V. 2012. Inmovilización de *Trichoderma harzianum* en hidrogeles de quitosano y su uso en tomate (*Solanum lycopersicum* L.). Terra Latinoamericana 30: 47-57. https://www.redalyc.org/pdf/573/57324651006.pdf

García E. 2004. Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen. Quinta edición. UNAM. México, D. F. 90 p.

García-González, M M., Farías-Rodríguez R., Peña-Cabriales, J. J., Sánchez-Yáñez, J. M. 2005. Inoculación del trigo var. Pavón con *Azospirillum* spp. y *Azotobacter beijerinckii*. Terra Latinoamericana 23 1 65-72. https://www.redalyc.org/pdf/573/57323109.pdf

Gómez-Dorantes N, Carreón-Abud Y, Fernández-Pavía S. P. 2008. Reducción de la susceptibilidad a *Phytophthora capsici* Leonian causante de la pudrición de raíz en jitomate (*Solanum lycopersicum* L.). Facultad de Biología de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo 10:100-108.

https://www.researchgate.net/publication/255950743\_Reduccion\_de\_la\_susceptibilidad\_a\_Phyto
phthora capsici Leonian causante de la pudricion de raiz en jitomate Solanum lycopersicu
m/link/00b49529037520c152000000/download

Grandilio S, K. Hsin Mei y S. D. Tanksley. 1996. Characterization of a major QTL influencing fruit shape in tomato. Molecular Breeding 2: 251-260. <a href="https://doi.org/10.1007/BF00564202">https://doi.org/10.1007/BF00564202</a> Grandilio S. and Tanksley S. 2004. The genetic developmental and molecular bases of fruit size and shape variation in Tomato. The Plant Cell 16: 181–189. Doi:10.1093/jxb/eri057

Holt K. E, H. Wertheim, R. N. Zadoks, S. Baker, C. A. Whitehouse, D. Dance... y Nicholas R. Thomson. 2015. Genomic analysis of diversity, population structure, virulence, and antimicrobial resistance in *Klebsiella pneumoniae*, an urgent threat to public health. Proceedings of the National Academy of Science. E3574-E3581.

Holtan E. E. H. and S. Hake. 2003. Quantitative trait locus analysis of leaf dissection in Tomato using *Lycopersicon pennellii* segmental introgression lines. Genetics 165:1541-1550. <a href="https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf">https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf</a>

Jenkins J. A. 1948. The origin of the cultivated tomato. Economic Botany 2: 379-392. https://link.springer.com/article/10.1007%2FBF02859492 Jones J. B. Jr. 2007. Tomato Plant culture: in the field, greenhouse, and home garden, CRC Press, Boca Raton, Florida. USA. 199 p.

Juárez-López P., Castro-Brindis R., Colinas León T., Sandoval-Villa M., Ramírez-Vallejo P., Reed W. D. ... y King S. 2012. Evaluación de características de interés agronómico de siete genotipos nativos de jitomate (*Lycopersicom esculentum* Mill.) cultivados en hidorponia. Revista Chapingo Serie Horticultura18:207-216. http://www.scielo.org.mx/pdf/rcsh/v18n2/v18n2a2.pdf

Juarez-Maldonado A, Del Alba-Romenus K, Zermeño-Gonzalez A, Ramírez H, Benavides-Mendoza A. 2015. Análisis de crecimiento del cultivo de tomate en invernadero. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 6: 943-954. <a href="https://www.researchgate.net/publication/278020044\_Analisis\_de\_crecimiento\_del\_cultivo\_de\_t">https://www.researchgate.net/publication/278020044\_Analisis\_de\_crecimiento\_del\_cultivo\_de\_t</a> omate en invernadero Growth analysis of tomato in greenhouse

Junqing Qiao J, Yu X, Liang X, Liu Y, Borriss R, Liu Y. 2017. Addition of plant-growth-promoting *Bacillus subtilis* PTS-394 on tomato rhizosphere has no durable impact on composition of root microbiome. Qiao *et al.* BMC Microbiology 17:131. <a href="https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-017-1039-x">https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/articles/10.1186/s12866-017-1039-x</a>

Kloepper, J. W. 1993. Plant growthpromoting rhizobacteria as biological control agents. Soil Microbial Ecology: Applications in Agricultural and Environmental Management. F. B. Metting, Jr., ed. Marcel Dekker Inc., New York, 274 p.

Koneman E. W., M. J. Willian, P. C. Schreckenberger, W. C. Winn y S. D. Allen, G. L. Woods. 2008. Diagnostico Microbiológico Texto y Atlas en Color, Buenos Aires, Argentina 250-253 p. <a href="http://www.fundacionio.org/books/books/microbiologia koneman.html">http://www.fundacionio.org/books/books/microbiologia koneman.html</a> Holtan E. E. H. and S. Hake. 2003. Quantitative trait locus analysis of leaf dissection in Tomato using *Lycopersicon pennellii* segmental introgression lines. Genetics 165:1541-1550. <a href="https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf">https://www.genetics.org/content/genetics/165/3/1541.full.pdf</a>

Lara M. C., A. Álvarez S. y L. E. Oviedo Z. 2013. Impacto de inoculación con la bacteria nativa *Azospirillum* sobre *Orza sativa* L. en Córdoba Colombia. Biotecnología en el Sector Agropecuario y Agroindustrial 11:37-45. http://www.scielo.org.co/pdf/bsaa/v11n2/v11n2a05.pdf

Loredo-Osti C, Beltrán L. S. y Barrón C. J. L. 1998. Reconversión de áreas agrícolas marginales a uso pecuario con módulos forrajeros. Pub. Téc. 10. Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias Campo Experimental Palma de la Cruz. San Luis Potosí, San Luis Potosí, México. 197 pp. <a href="http://www.inifapcirne.gob.mx/Biblioteca/Publicaciones/764.pdf">http://www.inifapcirne.gob.mx/Biblioteca/Publicaciones/764.pdf</a>

Luna-Martínez L., Martínez-Peniche R. A., Hernández-Iturriaga M., Arvizu-Medrano S. M. y Pacheco-Aguilar J. R. 2013. Caracterización de rizobacterias aisladas de tomate y su efecto en el crecimiento de tomate y pimiento. Revista Fitotecnia Mexicana 36 (1): 63–69. <a href="http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S0187-73802013000100007">http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S0187-73802013000100007</a>

Martínez-Blanco B., Antonio-Vejar V., Bello-Martínez J., Palemón-Alberto F., Romero-Ramírez Y., Orbe-Díaz D. I., Toribio Jiménez J. 2020. Uso of plant gowth promoting bacteria to increase the production of Lactuca sativa L. in the field. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 11:449-452.

Matiru, V. N. y Dakora, F. 2004. Potential use of rhizobial bacteria as promoters of plant growth for increased yield in landraces of African cereal crops. African Journal of Biotechnology, 3:7-16. Mehnaz S. 2015. *Azospirillum*: A biofertilizer for every Crop. En: Plant Microbes Symbiosis: Applied Facets. Arora N.K. (Ed.). Springer, India. Pp. 297- 313.

Mehnaz S, y G. Lazarovits. 2006. Inoculation effects of *Pseudomonas putida, Gluconacetobacter azotocaptans*, and *Azospirillum lipoferum* on corn plant growth under greenhouse conditions. Microbiol Ecology 51:326–335.

growth and tomato yield at several nitrate/ammonium ratios and bicarbonate concentrations. Revista Fitotecnia Mexicana 35:143-153. <a href="http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v35n2/v35n2a6.pdf">http://www.scielo.org.mx/pdf/rfm/v35n2/v35n2a6.pdf</a>
Patricio-Hernández A, S. A. Ortega-Acosta, Ramírez-Peralta A., Ayala-Sánchez A., Palemón Alberto F., Toledo Hernández E., Romero Ramírez Y., Toribio Jiménez J. 2020. Antagonistic bacteria for biospace control of roselle spot (*Corynespora cassiicola*) of *Hibiscus sabdariffa*. Mexican Journal of Phytopathology 38:450-462. DOI: 10.18781/R.MEX.FIT.2006-1
Peralta I. E. and D. M. Spooner. 2007. History, origin and early cultivation of tomato (Solanaceae). In: M. K. Razdan and A. K. Mattoo (Eds). Genetic Improvement of Solanaceous Crops. Vol. 2

Parra-Terraza S, P. Lara-Murrieta, M. Villareal-Romero y S. Hernández-Verdugo. 2012. Plant

Qiao J, X. Yu, X. Liang, Y. Liu, R. Borriss and Y. Liu (2017) Addition of plant growth promoting *Bacillus subtilis* PTS-394 on tomato rhizosphere has no durable impact on composition of root microbiome.

BMC Microbiology 17:13.

New

Hampshire,

USA.

1-24.

pp

https://bmcmicrobiol.biomedcentral.com/track/pdf/10.1186/s12866-017-1039-x

https://vcru.wisc.edu/spoonerlab/pdf/Peralta%20and%20Spooner%20vol.2.pdf

Publishers.

Tomato.

Science

Radwan M. A, M. M. Abu-Elamayem, SH. M. L. Kassem and E. K. El Maadawy. 2004. Management of *Meloidogyne incognita*, root-knot nematode by integration of *Bacillus thuringiensis* with either organic amendments or carbofuran. Pakistan Journal of Nematology 22:135-142. <a href="https://www.researchgate.net/publication/259295349">https://www.researchgate.net/publication/259295349</a>

Restrepo-Salazar E. F., Vallejo-Cabrera F. A, Lobo A. M. 2008. Fenología de la floración en tomate cultivado y especies silvestres relacionadas. Acta Agronómica 57 (2): 1-5. http://www.scielo.org.co/pdf/acag/v57n2/v57n2a02.pdf

Reybet G. E, A. P. Bustamante, C. M. Reybet, S. J. Bramardi and A. R. Escande. 2012. Efecto sinérgico de la solarización del suelo y la aplicación de *Pseudomonas fluorescens* P190 sobre el

rendimiento de tomate en invernadero. Horticultura Argentina 31:5-11. https://www.researchgate.net/publication/260869592

Rick, C. M. and Fobes J. F. 1975. Allozyme variation in the cultivated tomato and closely related species. *Bulletin of the Torrey Botanical Club* 102:376-384

Rocha N. Claros M, Calisaya J. J, Ortuño N. 2019. Selección de bacterias endófitas tipo *Bacillus* como promotoras de crecimiento en el cultivo de papa variedad Huaycha (*Solanum tuberosum* subsp. Andigena). Revista Latinoamericana de la Papa. 23 1: 14 – 34. https://www.lens.org/lens/scholar/article/145-902-759-450-244/main

Rodríguez-Díaz E, E. Salcedo-Pérez, R. Rodríguez-Macias, D. R. González-Eguiarte., Mena-Munguía S. 2013. Reúso del tezontle: efecto en sus características físicas y en la producción de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill). Terra Latinoamericana 31:275-284.

Rodríguez-Valdés A, Florido-Bacallao M, Dueñas-Hurtado F, Muñoz-Calvo L. J, Hanson P, Álvarez-Gil M. 2017. Morphoagronomic characterization of tomato lines (*Solanum lycopersicum* L.) resistant to begomovirus. Cultivos Tropicales 38: 70-79. <a href="https://www.redalyc.org/pdf/1932/193252701009.pdf">https://www.redalyc.org/pdf/1932/193252701009.pdf</a>

Rodríguez-Valdés A, Florido-Bacallao M, Dueñas-Hurtado F, Muñoz-Calvo L. J, Hanson P, Álvarez-Gil M. 2017. Morphoagronomic characterization of tomato lines (*Solanum lycopersicum* L.) resistant to begomovirus. Cultivos Tropicales 38: 70-79. <a href="https://www.redalyc.org/pdf/1932/193252701009.pdf">https://www.redalyc.org/pdf/1932/193252701009.pdf</a>

Rojas-Badía M. M, Bello-González M. A., Ríos-Rocafull Y, Lugo-Moya D, y Rodríguez-Sánchez J. 2020. Plant growth promotion of commercial vegetable crops by Bacillus strains. Acta Agronómica 69: 1 54-60. <a href="https://doi.org/10.15446/acag.v68n4.79606">https://doi.org/10.15446/acag.v68n4.79606</a>

Rueda-Puente E. O., Villegas-Espinoza J. A., Gerlach-Barrera L. E., Tarazón-Herrera M. A., Murillo-Amador B., García-Hernández J. L. ... y Preciado-Rangel P. 2009. Efecto de la

inoculación de bacterias promotoras de crecimiento vegetal sobre la germinación de *Salicornia* bigelovii. Terra Latinoamericana 27:345-354.

Sánchez, P. P.; Oyama, K.; Núñez, F. J.; Formoni, J.; Hernández, V. S.; Márquez, G. J.; y Garzón, T. J. 2006. Sources of resistence to whitefly (Bemisia spp.) in wild populations of Solanum lycopersicum var. cerasiforme (Dunal) Spooner G. J. Anderson et R. K. Jansen in Northwestern México. Gen. Res. Crop Evol. 53:711–719. <a href="https://www.researchgate.net/publication/226909382">https://www.researchgate.net/publication/226909382</a> Sources of Resistance to Whitefly Bemi sia spp in Wild Populations of Solanum lycopersicum var Cerasiforme Dunal Spooner GJ Anderson et RK Jansen in Northwestern Mexico

Sánchez-López D. B, Gómez-Vargas R. M, Garrido-Rubiano M. F, Bonilla-Buitrago R. R. 2012. Inoculación con bacterias promotoras de crecimiento vegetal en tomate bajo condiciones de invernadero. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 3: 1401-1415. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\_arttext&pid=S2007-09342012000700009

Santillana N, Arellano C, Zúñiga D. 2005. Capacidad del *Rhizobium* de promover el crecimiento en plantas de tomate (*Lycopersicon esculentum* M.). Ecología Aplicada 4: 47-51. <a href="http://www.scielo.org.pe/pdf/ecol/v4n1-2/a07v4n1-2.pdf">http://www.scielo.org.pe/pdf/ecol/v4n1-2/a07v4n1-2.pdf</a>

Urbina-Sánchez E, Baca-Castillo G. A, Núñez-Escobar R, Colinas-León M. T, Tijerina-Chávez L, Tirado-Torres J. L. 2006. Cultivo hidropónico de plántulas de jitomate en zeolita cargada con K+, Ca2+ O Mg2+ y diferente granulometría. Agrociencia 40: 419-429. http://www.colpos.mx/agrocien/Bimestral/2006/jul-ago/art-1.pdf

Uribe-Lorío L, l. Castro-Barquero, F. Arauz-Cavallini, C. Henriquez-Henríquez., Blanco Meneses M. 2014. Pudrición basal causada por *Phytophthora capsici* en plantas de chile tratadas con vermicompost. Agronomía Mesoamericana 25:243-253. https://www.redalyc.org/pdf/437/43731480003.pdf

Vallejo-Cabrera F. A, Pava J H, Vargas J. A, Arango A. P. A. 1994. Caracterización morfo agronómica de especies y variedades botánicas del género *Lycopersicon*. Acta agronómica 44: 37-50. <a href="https://revistas.unal.edu.co/index.php/acta\_agronomica/article/view/15554/16308">https://revistas.unal.edu.co/index.php/acta\_agronomica/article/view/15554/16308</a>

Van Der Knaap E, Z. Lippman y S. D. Tanksley. 2002. Extremely elongated tomato fruit controlled by four quantitative trait loci with epistatic interactions. Theoretical and Applied Genetics 104:241-247. <a href="https://doi.org/10.1007/s00122-001-0776-1">https://doi.org/10.1007/s00122-001-0776-1</a>

Van der Knaap E. and S. D. Tanksley. 2003. The making of a bell pepper-shaped tomato fruit: identification of loci controlling fruit morphology in yellow stuffer tomato. Theor Appl Genet. 107:139–147. DOI 10.1007/s00122-003-1224-1

Vásquez-Ortiz R, Carrillo-Rodríguez J. C., Ramírez Vallejo P. 2010. Evaluación morfoagronómica de una muestra del jitomate nativo del Centro y Sureste de México. Naturaleza y Desarrollo 8:49-64.

https://www.ciidiroaxaca.ipn.mx/revista/sites/www.ciidiroaxaca.ipn.mx.revista/files/pdf/vol8num 2/NatyDes\_Vol-8-2-Art4.pdf

# **ANEXOS**

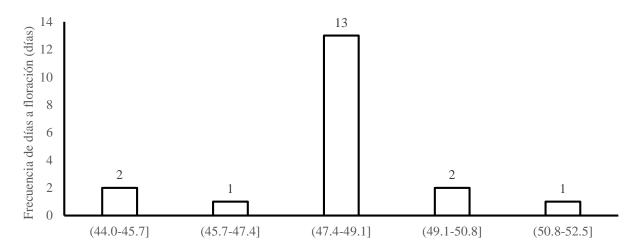


Figura 1a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

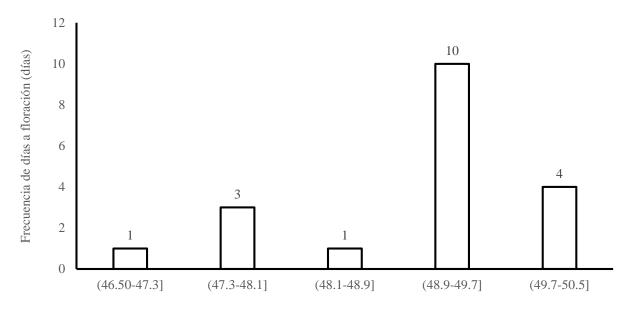


Figura 2a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

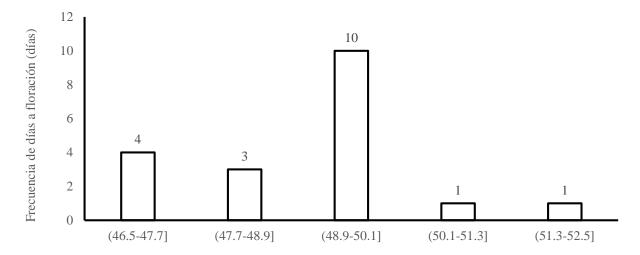


Figura 3a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

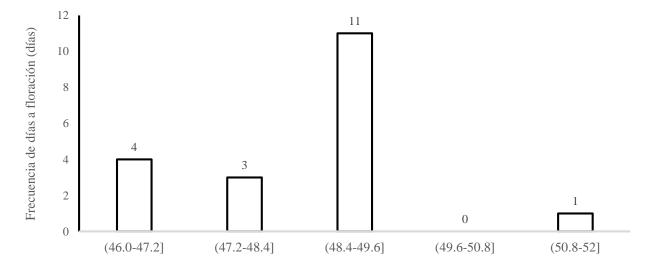


Figura 4a. Interacción solución nutriva por genotipo de jitomate

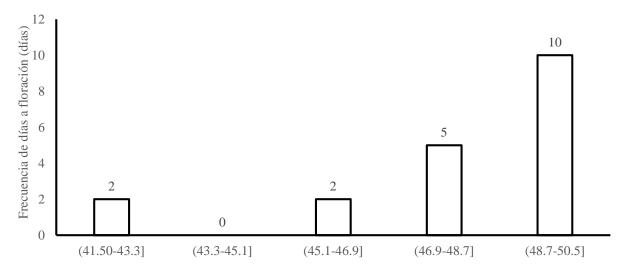


Figura 5a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

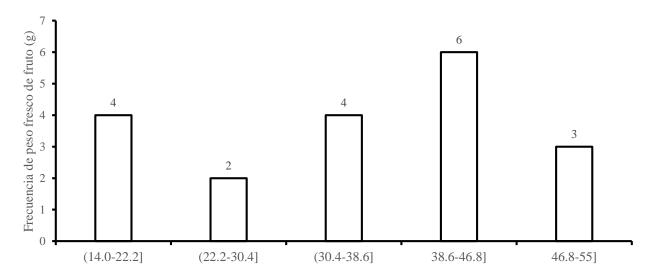


Figura 6a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

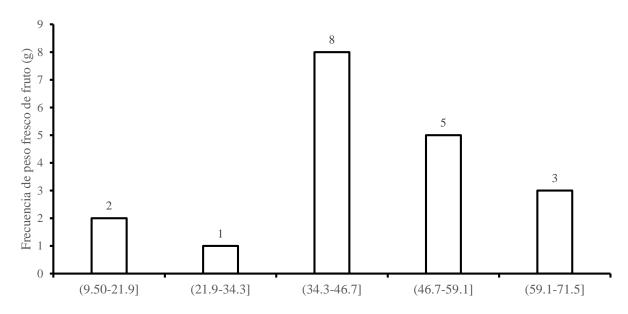


Figura 7a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

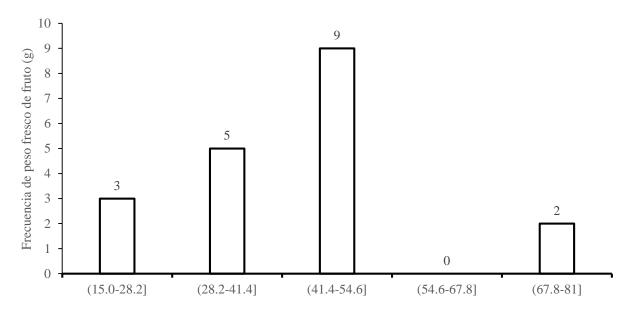


Figura 8a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

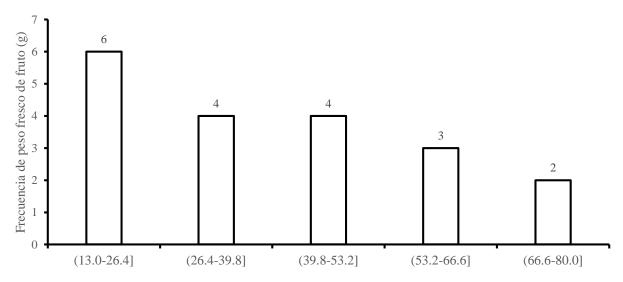


Figura 9a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

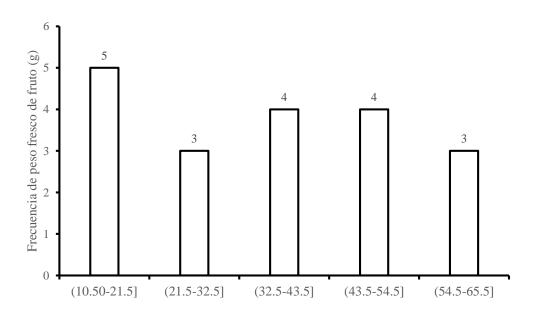


Figura 10a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

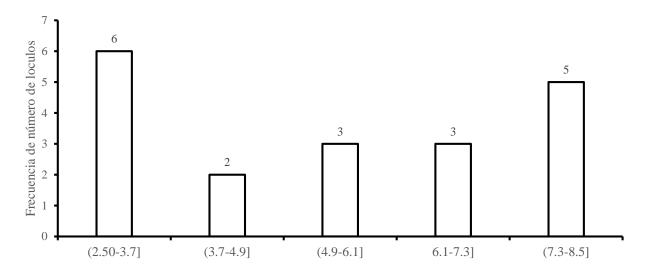


Figura 11a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

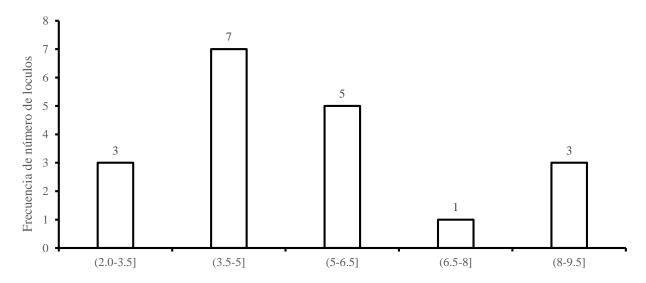


Figura 12a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

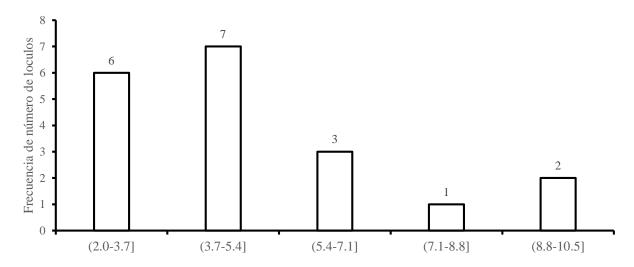


Figura 13a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

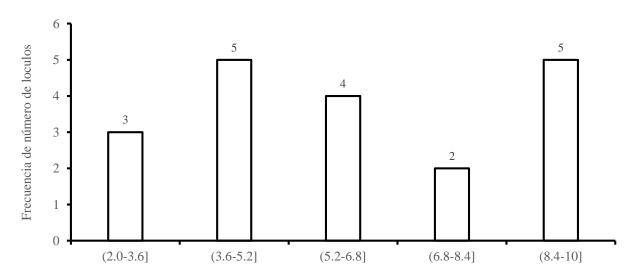


Figura 14a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

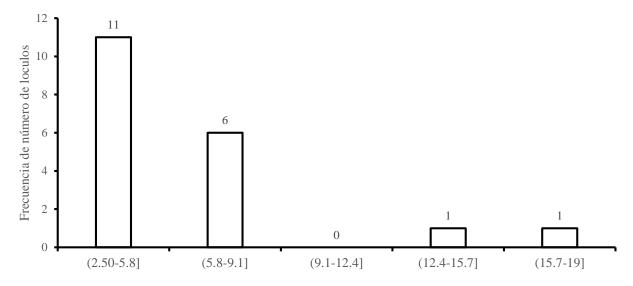


Figura 15a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

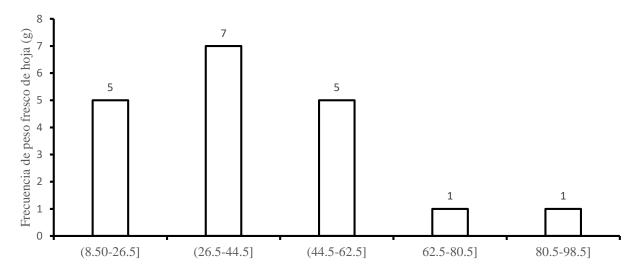


Figura 16a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

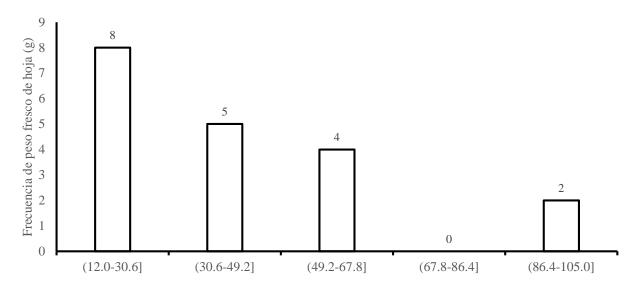


Figura 17a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

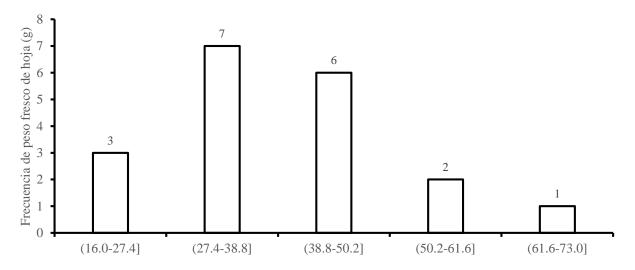


Figura 18a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

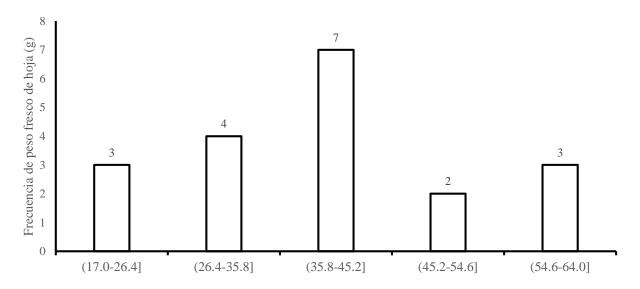


Figura 19a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

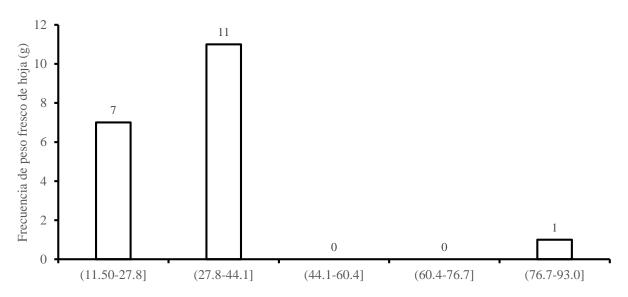


Figura 20a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

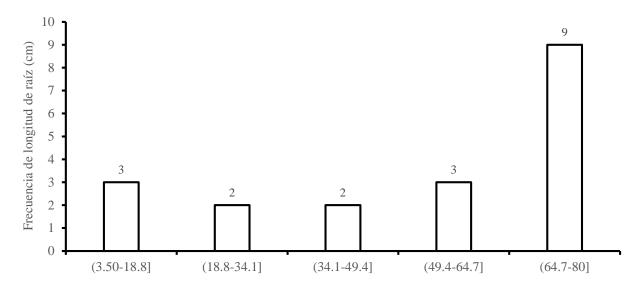


Figura 21a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

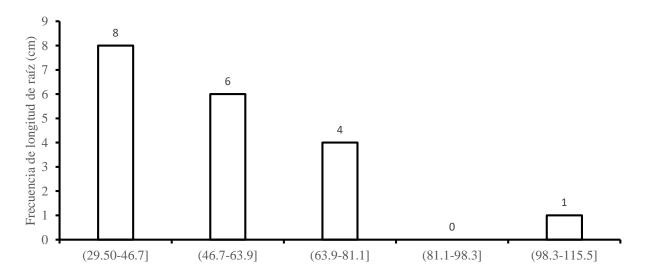


Figura 22a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

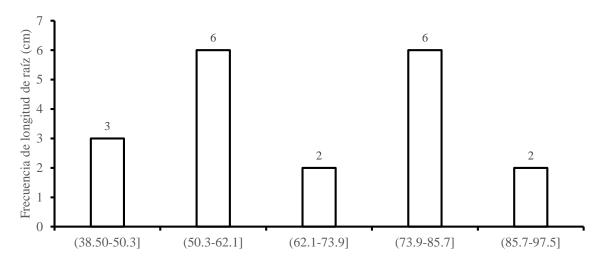


Figura 23a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

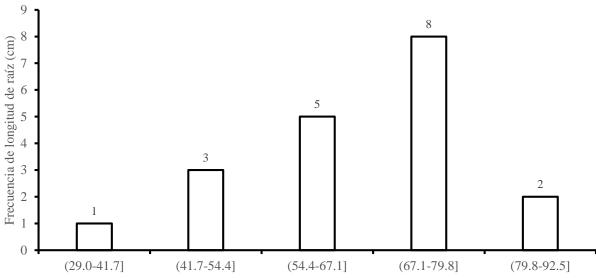


Figura 24a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

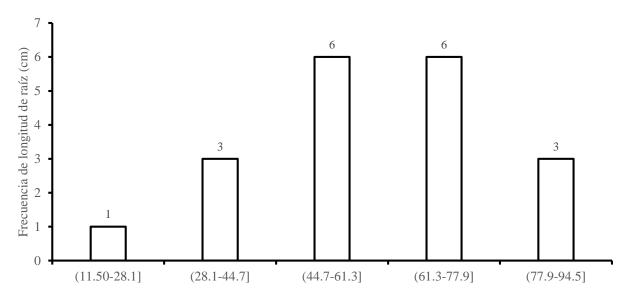


Figura 25a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

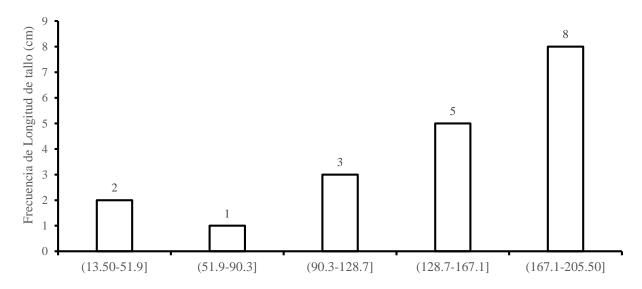


Figura 26a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

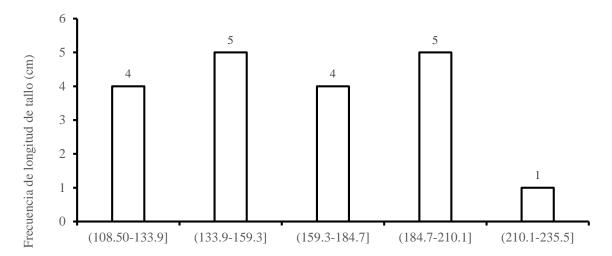


Figura 27a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

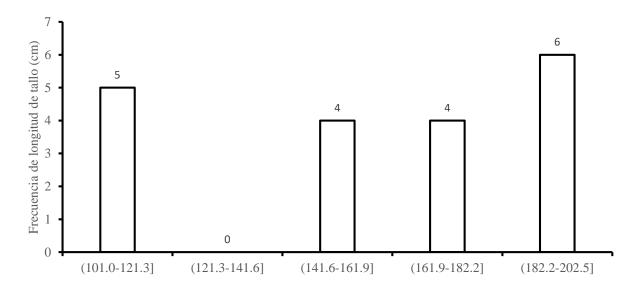


Figura 28a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

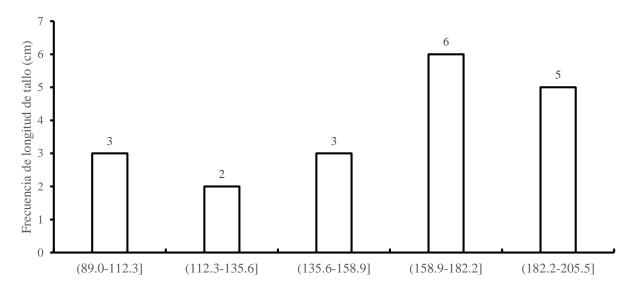


Figura 29a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

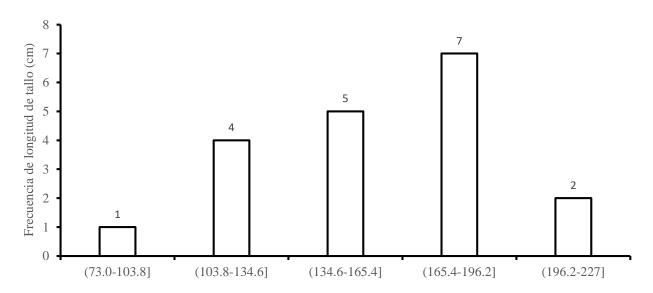


Figura 30a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

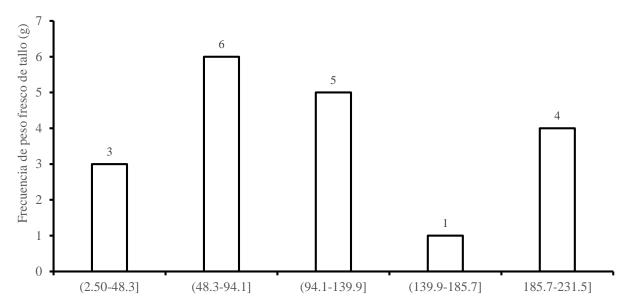


Figura 31a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

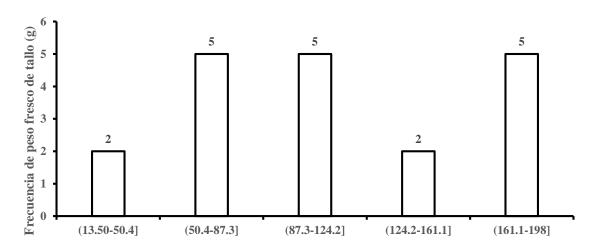


Figura 32a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

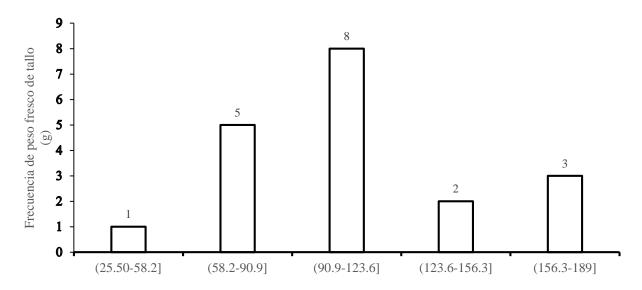


Figura 33a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

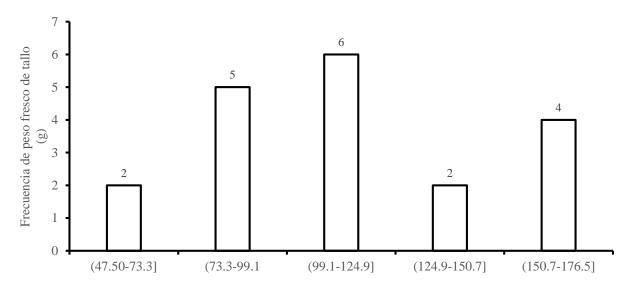


Figura 34a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

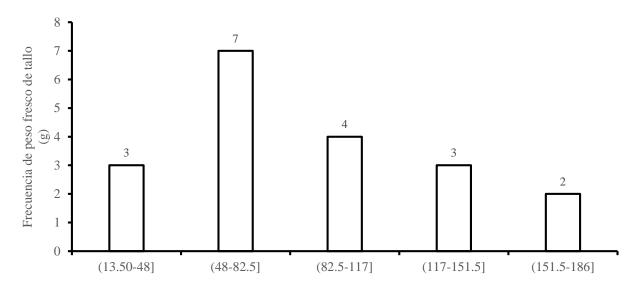


Figura 35a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

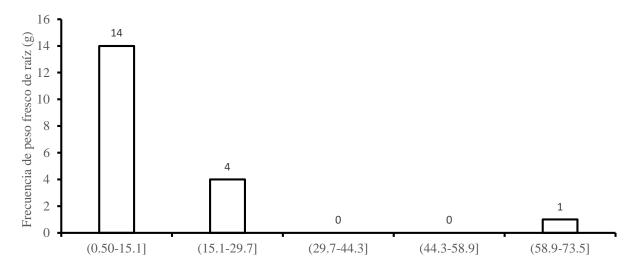


Figura 36a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

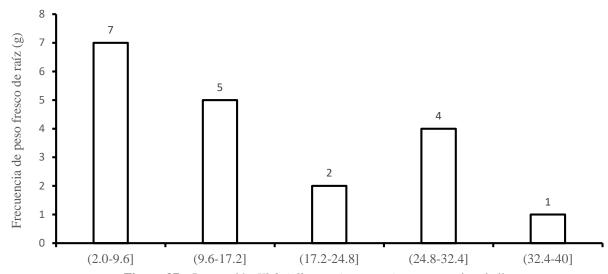


Figura 37a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

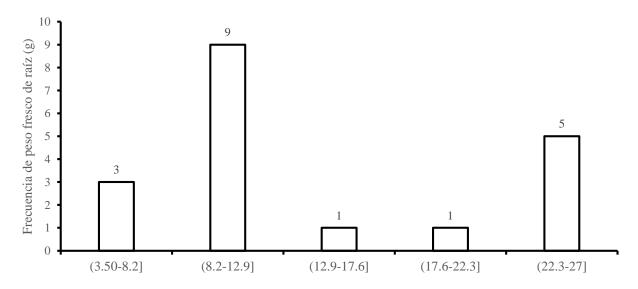


Figura 38a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

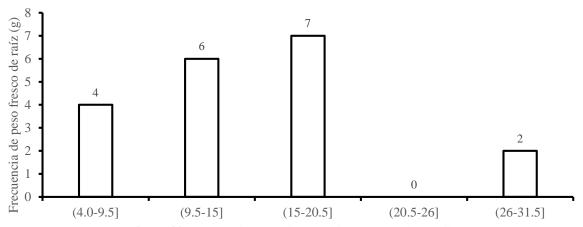


Figura 39a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

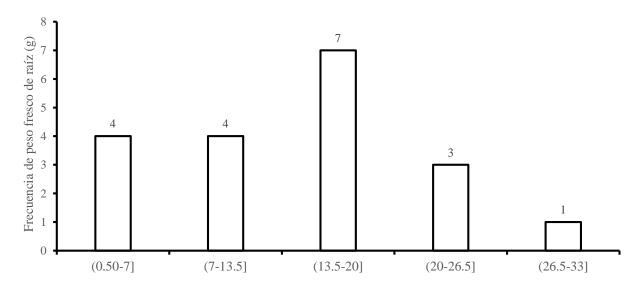


Figura 40a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

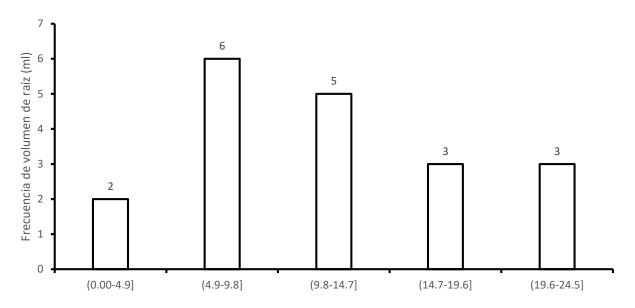


Figura 41a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

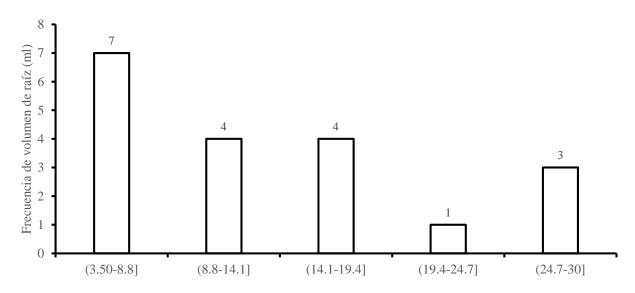


Figura 42a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

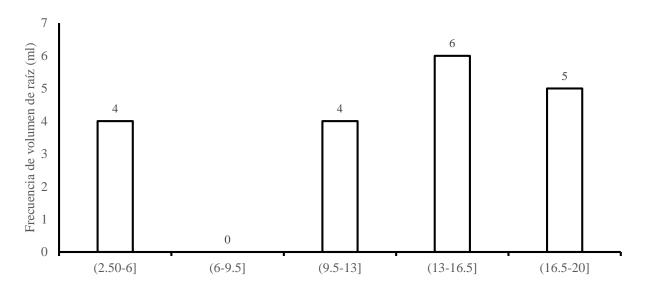


Figura 43a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

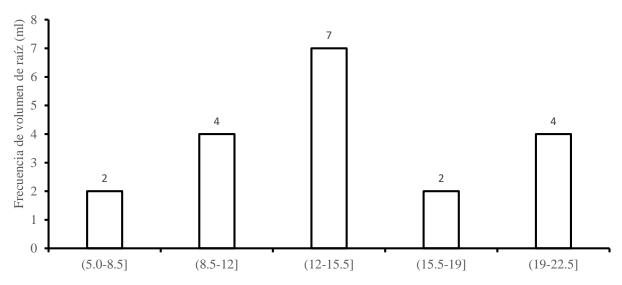


Figura 44a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

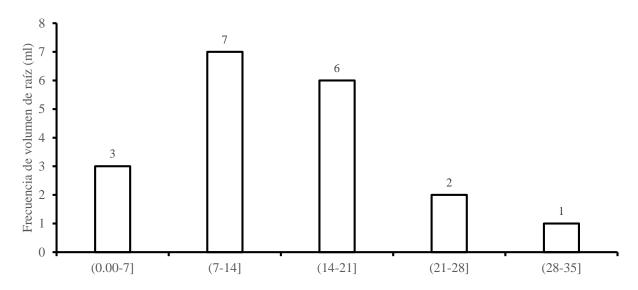


Figura 45a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

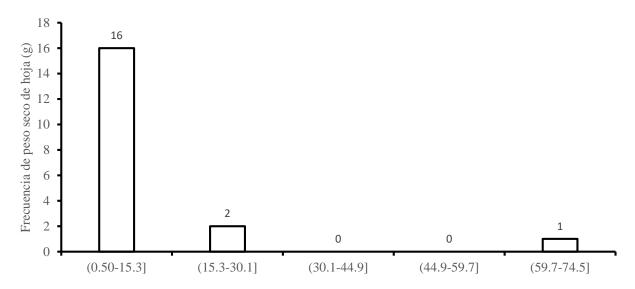


Figura 46a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

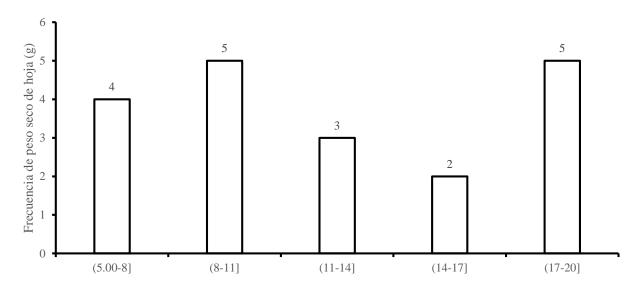


Figura 47a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

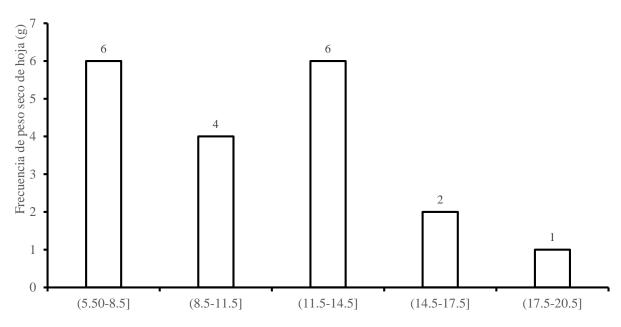


Figura 48a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

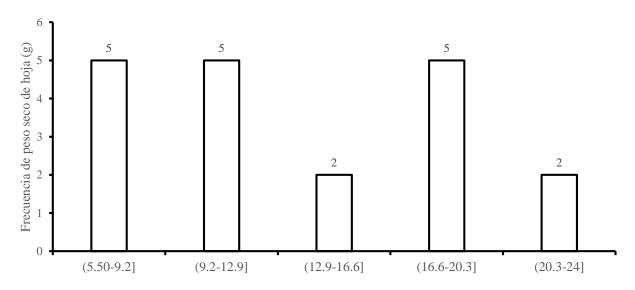


Figura 49a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

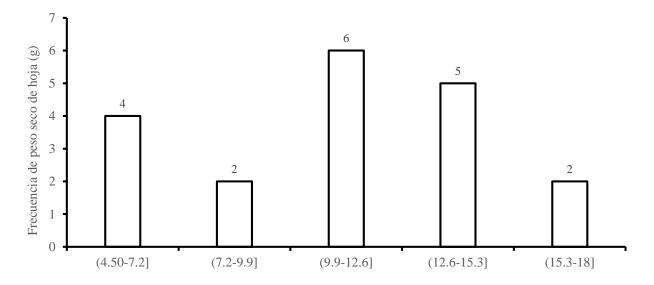


Figura 50a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

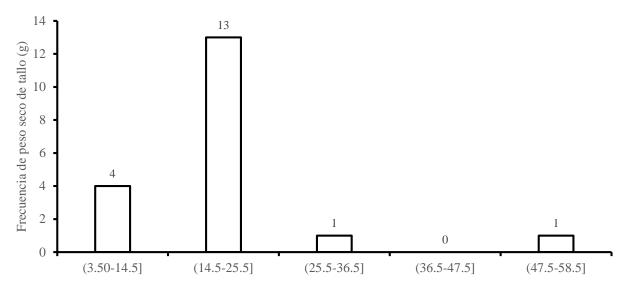


Figura 51a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

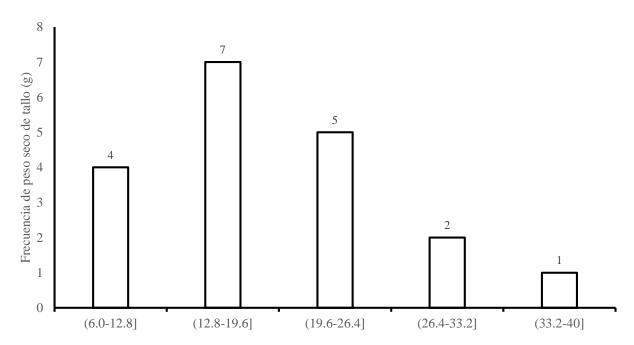


Figura 52a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

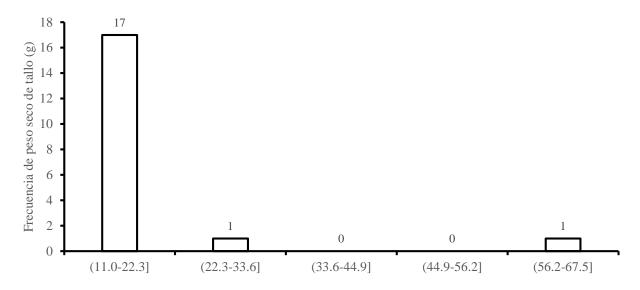


Figura 53a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

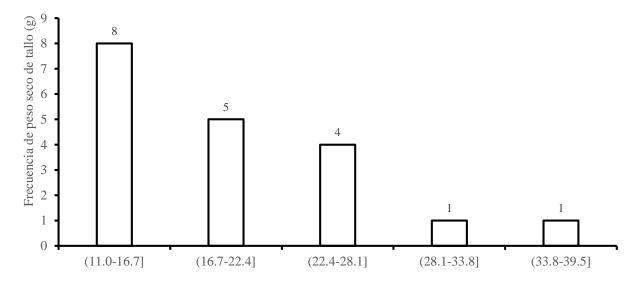


Figura 54a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

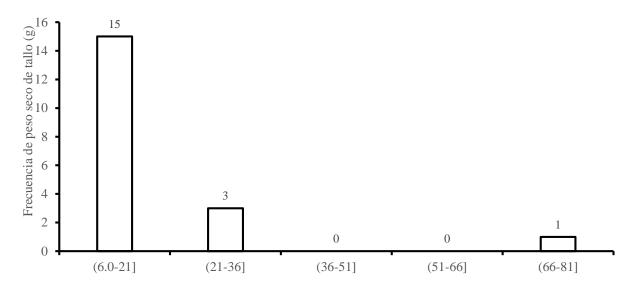


Figura 55a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

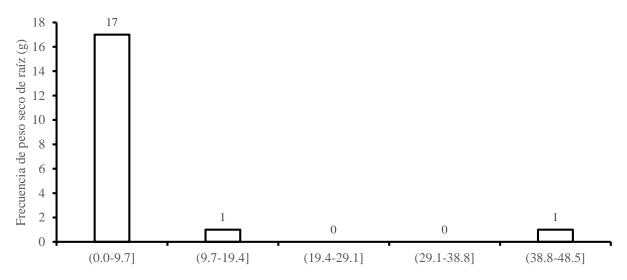


Figura 56a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

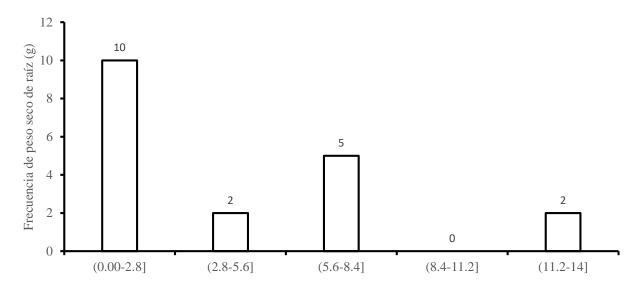


Figura 57a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

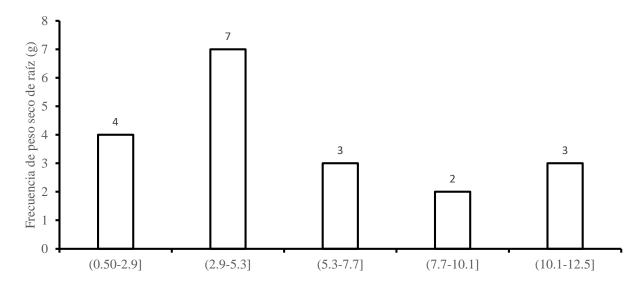


Figura 58a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

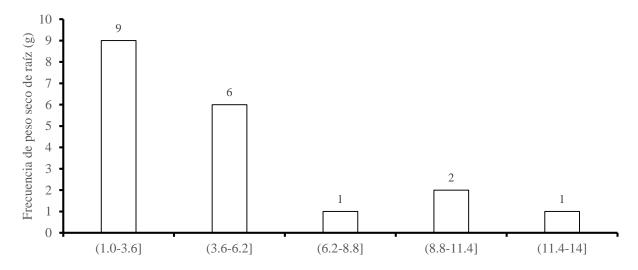


Figura 59a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

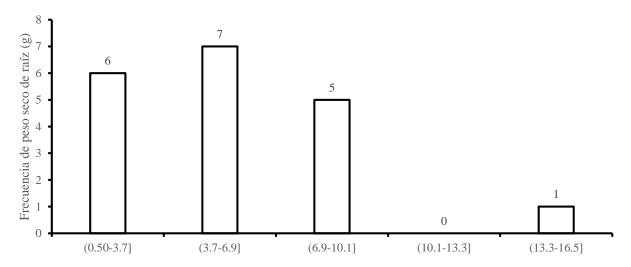


Figura 60a. Interacción testigo por genotipo de jitomate

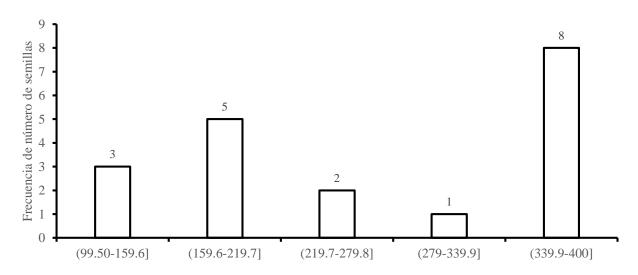


Figura 61a. Interacción Klebsiella variicola por genotipo de jitomate

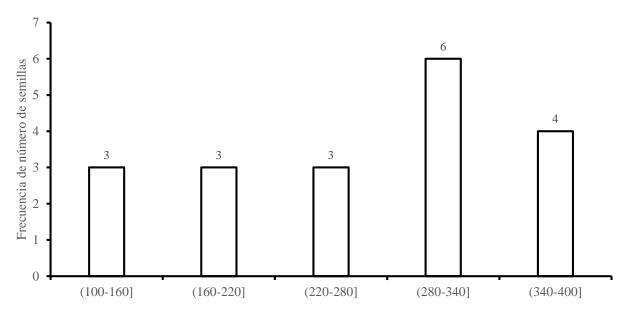


Figura 62a. Interacción Klebsiella quasipneumoniae por genotipo de jitomate

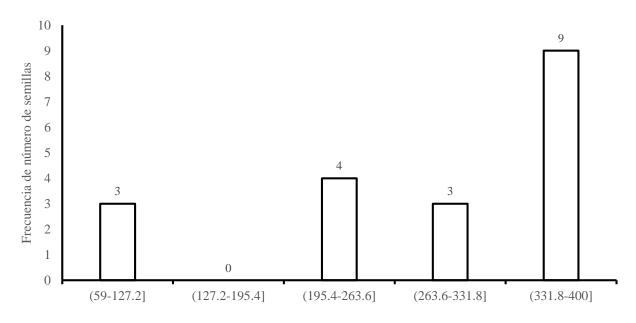


Figura 63a. Interacción Klebsiella pneumoniae por genotipo de jitomate

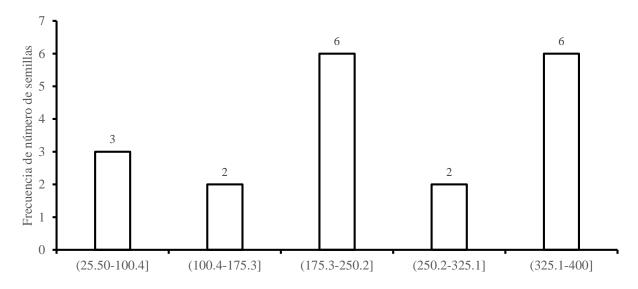


Figura 64a. Interacción solución nutritiva por genotipo de jitomate

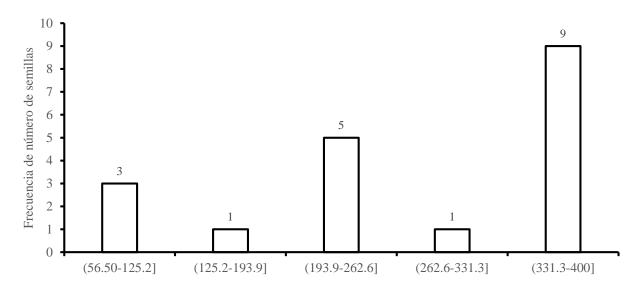


Figura 65a. Interacción testigo por genotipo de jitomate