



Universidad de San Carlos de Guatemala
Facultad de Ingeniería
Escuela de Estudios de Postgrado
Maestría en Artes en Estadística Aplicada

**DISEÑO EXPERIMENTAL APLICADO A LA EVALUACIÓN DE RESISTENCIA EN
GENOTIPOS DE LA ESPECIE *Capsicum annum* L. AL VIRUS DEL BRONCEADO DEL
TOMATE (TSWV) EN LA FINCA SANTA TERESA, SACATEPÉQUEZ, GUATEMALA**

Ing. Agr. Sandy Maoly Castañeda Franco
Asesorado por el M.A. Elmer Humberto Lémus Flores

Guatemala, abril de 2023

UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA



FACULTAD DE INGENIERÍA

**DISEÑO EXPERIMENTAL APLICADO A LA EVALUACIÓN DE RESISTENCIA EN
GENOTIPOS DE LA ESPECIE *Capsicum annum* L. AL VIRUS DEL BRONCEADO DEL
TOMATE (TSWV) EN LA FINCA SANTA TERESA, SACATEPÉQUEZ, GUATEMALA**

TRABAJO DE GRADUACIÓN

PRESENTADO A LA JUNTA DIRECTIVA DE LA
FACULTAD DE INGENIERÍA
POR

ING. AGR. SANDY MAOLY CASTAÑEDA FRANCO
ASESORADO POR EL M.A. ELMER HUMBERTO LÉMUS FLORES

AL CONFERÍRSELE EL TÍTULO DE

MAESTRA EN ARTES EN ESTADÍSTICA APLICADA

GUATEMALA, ABRIL DE 2023

UNIVERSIDAD DE SAN CARLOS DE GUATEMALA
FACULTAD DE INGENIERÍA



NÓMINA DE JUNTA DIRECTIVA

DECANA	Inga. Aurelia Anabela Cordova Estrada
VOCAL I	Ing. José Francisco Gómez Rivera
VOCAL II	Ing. Mario Renato Escobedo Martínez
VOCAL III	Ing. José Milton De León Bran
VOCAL IV	Br. Kevin Vladimir Cruz Lorente
VOCAL V	Br. Fernando José Paz González
SECRETARIO	Ing. Hugo Humberto Rivera Pérez

TRIBUNAL QUE PRACTICÓ EL EXAMEN GENERAL PRIVADO

DECANA	Inga. Aurelia Anabela Cordova Estrada
EXAMINADOR	Mtro. Ing. Edgar Darío Álvarez Coti
EXAMINADOR	Mtro. Ing. Edwin Adalberto Bracamonte Orozco
EXAMINADOR	Mtro. Ing. William Eduardo Fagiani Cruz
SECRETARIO	Ing. Hugo Humberto Rivera Pérez

HONORABLE TRIBUNAL EXAMINADOR

En cumplimiento con los preceptos que establece la ley de la Universidad de San Carlos de Guatemala, presento a su consideración mi trabajo de graduación titulado:

**DISEÑO EXPERIMENTAL APLICADO A LA EVALUACIÓN DE RESISTENCIA EN
GENOTIPOS DE LA ESPECIE *Capsicum annuum* L. AL VIRUS DEL BRONCEADO DEL
TOMATE (TSWV) EN LA FINCA SANTA TERESA, SACATEPÉQUEZ, GUATEMALA**

Tema que me fuera asignado por la Dirección de la Escuela de Estudios de Postgrado, con fecha 30 de julio del 2021.

Ing. Agr. Sandy Maoly Castañeda Franco

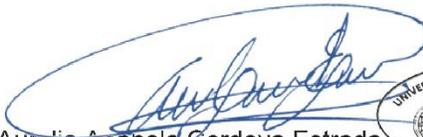


Decanato
Facultad de Ingeniería
24189101- 24189102
secretariadecanato@ingenieria.usac.edu.gt

LNG.DECANATO.OI.388.2023

La Decana de la Facultad de Ingeniería de la Universidad de San Carlos de Guatemala, luego de conocer la aprobación por parte del Director de la Escuela de Estudios de Posgrado, al Trabajo de Graduación titulado: **DISEÑO EXPERIMENTAL APLICADO A LA EVALUACIÓN DE RESISTENCIA EN GENOTIPOS DE LA ESPECIE Capsicum annum L. AL VIRUS DEL BRONCEADO DEL TOMATE (TSWV) EN LA FINCA SANTA TERESA, SACATEPÉQUEZ, GUATEMALA**, presentado por: **Ing. Agr. Sandy Maoly Castañeda Franco**, que pertenece al programa de Maestría en artes en Estadística aplicada después de haber culminado las revisiones previas bajo la responsabilidad de las instancias correspondientes, autoriza la impresión del mismo.

IMPRÍMASE:


Inga. Aurelia Anabela Cordova Estrada
Decana



Guatemala, abril de 2023

AACE/gaoc



Guatemala, abril de 2023

LNG.EEP.OI.388.2023

En mi calidad de Director de la Escuela de Estudios de Postgrado de la Facultad de Ingeniería de la Universidad de San Carlos de Guatemala, luego de conocer el dictamen del asesor, verificar la aprobación del Coordinador de Maestría y la aprobación del Área de Lingüística al trabajo de graduación titulado:

"DISEÑO EXPERIMENTAL APLICADO A LA EVALUACIÓN DE RESISTENCIA EN GENOTIPOS DE LA ESPECIE *Capsicum annuum* L. AL VIRUS DEL BRONCEADO DEL TOMATE (TSWV) EN LA FINCA SANTA TERESA, SACATEPÉQUEZ, GUATEMALA"

presentado por **Ing. Agr. Sandy Maoly Castañeda Franco** correspondiente al programa de **Maestría en artes en Estadística aplicada**; apruebo y autorizo el mismo.

Atentamente,

"Id y Enseñad a Todos"


Mtro. Ing. Edgar Darío Álvarez Cotí
Director

Escuela de Estudios de Postgrado
Facultad de Ingeniería



Guatemala, 29 de julio de 2021.

Mtro. Ing. Edgar Darío Álvarez Cotí.
Director de la Escuela de Estudios de Postgrado.
Facultad de Ingeniería
USAC.
Presente.

Estimado Maestro Álvarez Cotí:

De la manera más atenta me dirijo a usted, para hacer de su conocimiento que el estudiante de la Maestría en Estadística Aplicada, **Sandy Maoly Castañeda Franco** quien se identifica con registro académico número **999004057** y código único de identificación CUI **2104 01095 2007**, me presentó el protocolo de su trabajo de graduación titulado **DISEÑO EXPERIMENTAL APLICADO A LA EVALUACIÓN DE RESISTENCIA EN GENOTIPOS DE LA ESPECIE *Capsicum annuum* L. AL VIRUS DEL BRONCEADO DEL TOMATE (TSWV) EN LA FINCA SANTA TERESA, SACATEPÉQUEZ, GUATEMALA**, asesorado por Elmer Humberto Lemus Flores.

Luego de revisar el protocolo el cual fue aprobado por el Mtro. William Eduardo Fagiani Cruz y que el estudiante **Castañeda Franco**, ha realizado las correcciones solicitadas por el suscrito, le doy mi aprobación, solicitándole le sea elaborada la carta de aprobación correspondiente.

Sin otro particular, me suscribo.

Atentamente,



Edwin Adalberto Bracamonte Orozco
Coordinador
Maestría en Estadística Aplicada

Guatemala, 6 de agosto de 2021

M.A. Ing. Edgar Darío Álvarez Cotí
Director
Escuela de Estudios de Postgrado
Presente

Estimado M.A. Ing. Álvarez Cotí

Por este medio informo a usted, que he revisado y aprobado el Trabajo de Graduación y el Artículo Científico: **“DISEÑO EXPERIMENTAL APLICADO A LA EVALUACIÓN DE RESISTENCIA EN GENOTIPOS DE LA ESPECIE *Capsicum annum* L. AL VIRUS DEL BRONCEADO DEL TOMATE (TSWV) EN LA FINCA SANTA TERESA, SACATEPÉQUEZ, GUATEMALA”** de la estudiante **Sandy Maoly Castañeda Franco** del programa de Maestría en **Estadística Aplicada**, identificada con número de carné: **201122057**.

Agradeciendo su atención y deseándole éxitos en sus actividades profesionales me suscribo.



MSc. Lic. Elmer Humberto Lémus Flores

Colegiado No. 19376

Asesor de Tesis

ACTO QUE DEDICO A:

Dios	Por darme sabiduría y guiarme para alcanzar esta meta.
Mi madre	Por sus enseñanzas, comprensión y amor incondicional.
Mis hermanos (as)	Por siempre apoyarme, creer en mí y estar a mi lado en todo momento.
Mis sobrinos (as)	Por alegrar mis días.

AGRADECIMIENTOS A:

Universidad de San Carlos de Guatemala	Por ser mi casa de estudios y darme la oportunidad de obtener este triunfo.
Facultad de Ingeniería y Escuela de Estudios de Postgrado	Por brindarme los conocimientos que me formaron para obtener este logro.
East-West Seed (Guatemala), S. A.	Por permitirme realizar esta investigación en sus instalaciones.
M.A. Elmer Lémus	Por su valioso apoyo y compartir sus conocimientos para el desarrollo de esta investigación.
Dra. Aura Marina Rodríguez	Por su apoyo incondicional y contribuir a mi desarrollo profesional.
Licda. Ana Delmi Castañeda	Por toda su paciencia, apoyo y siempre cuidar de mí a lo largo de mi vida.
Lic. Eduardo Saquilmer	Por su apoyo durante mis estudios.
Eduardo Monzon	Por su apoyo incondicional y siempre cuidar de mí persona.

Ing. William Fagiani

Por compartir sus conocimientos para el diseño de esta investigación.

Ing. Edwin Bracamonte

Por su apoyo y compartir sus conocimientos.

Mis amigos

Adriana Montejo, Francisco Pec, Emanuel Santos, Brenda Medina y Raquel Marroquín por su apoyo incondicional.

ÍNDICE GENERAL

ÍNDICE DE ILUSTRACIONES	V
LISTA DE SÍMBOLOS	VII
GLOSARIO	IX
RESUMEN	XI
PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA.....	XIII
OBJETIVOS.....	XVII
MARCO METODOLÓGICO	XIX
INTRODUCCIÓN	XXVII
1. MARCO REFERENCIAL.....	1
1.1. Estudios previos	1
2. MARCO TEÓRICO.....	7
2.1. Diseño de experimentos	7
2.1.1. Repetición.....	7
2.1.2. Aleatorización	7
2.2. Diseños factoriales	8
2.2.1. Diseño factorial mixto	8
2.2.1.1. Variables de respuesta	10
2.2.1.2. Factores.....	10
2.2.1.3. Niveles y tratamientos	11
2.2.1.4. Unidad experimental.....	11
2.2.1.5. Error aleatorio y error experimental	11
2.2.1.6. Análisis de varianza.....	12
2.2.2. Prueba post hoc.....	16

	2.2.2.1.	Prueba de Duncan	16
	2.2.2.2.	Prueba de Tukey	17
	2.2.2.3.	Prueba S.N.K.	17
	2.2.3.	Correlación de Spearman.....	18
2.3.		Género Capsicum	19
	2.3.1.	Especie <i>C. annuum</i>	20
2.4.		Mejoramiento genético	20
	2.4.1.	Genotipo.....	21
2.5.		Virus del bronceado del tomate.....	21
3.		PRESENTACIÓN DE RESULTADOS.....	23
3.1.		Objetivo 1. Identificación del genotipo de <i>C. annuum</i> con la menor infección después de ser inoculado mecánicamente con TSWV y objetivo 2. Evaluación del comportamiento de cinco aislados de TSWV provenientes de diferentes localidades de Guatemala.....	23
	3.1.1.	Efectos de los factores	23
	3.1.2.	ANOVA.....	26
	3.1.3.	Pruebas post-hoc	27
		3.1.3.1. Prueba de Duncan	28
		3.1.3.2. Prueba de Tukey	29
		3.1.3.3. Prueba de S.N.K.	31
	3.1.4.	Validación de supuestos	33
3.2.		Objetivo 3 . Estimación del grado de correlación entre el valor de absorbancia a 405 nm y la incidencia obtenida mediante la escala de observación visual.	35
4.		DISCUSIÓN DE RESULTADOS.....	39
4.1.		Análisis interno.....	39

4.2.	Análisis externo	41
	CONCLUSIONES	45
	RECOMENDACIONES	47
	REFERENCIAS	49
	APÉNDICES	57

ÍNDICE DE ILUSTRACIONES

FIGURAS

1.	Efecto principal del factor aislado (A).....	24
2.	Efecto principal del factor genotipo (B).....	24
3.	Efecto de la interacción A x B	25
4.	Efecto de la interacción B x A	25
5.	Gráficos para la validación de supuestos.....	34
6.	Comportamiento de dispersión de las variables.....	36
7.	Relación entre la Incidencia y la absorbancia	38

TABLAS

I.	Variables de estudio.....	XXI
II.	Arreglo del diseño experimental factorial mixto.....	XXIV
III.	Modelo del diseño experimental de dos factores	9
IV.	Análisis de varianza	14
V.	Coefficiente de correlación de Spearman	19
VI.	Resultados del R^2	26
VII.	Resultados ANOVA.....	27
VIII.	Resultados prueba de Duncan para el factor aislado.....	28
IX.	Resultados prueba de Duncan para el factor genotipo	28
X.	Resultados prueba de Duncan para la interacción.....	29
XI.	Resultados prueba de Tukey para el factor aislado	30
XII.	Resultados prueba de Tukey para el factor genotipo.....	30
XIII.	Resultados prueba de Tukey para la interacción	31

XIV.	Resultados prueba S.N.K. para el factor aislado	31
XV.	Resultados prueba S.N.K para el factor genotipo	32
XVI.	Resultados prueba S.N.K. para la interacción	33
XVII.	Resultados de pruebas del supuesto de homocedasticidad	34
XVIII.	Coeficientes de correlación.....	37
XIX.	Coeficientes	37

LISTA DE SÍMBOLOS

Símbolo	Significado
CM_E	Cuadrado medio para el error
CM_A	Cuadrado medio para el factor A
CM_B	Cuadrado medio para el factor B
CM_{AB}	Cuadrado medio para la interacción A x B
S	Desviación estándar muestral
ε	Error o residuo
F	F de Fisher
KH_2PO_4	Fosfato dipotásico
H_a	Hipótesis alterna
H_o	Hipótesis nula
$\bar{y}..$	Media general
μ	Media poblacional
nm	Nanómetro
α	Significancia
SS_T	Suma de cuadrados total
SS_A	Suma de cuadrados para el factor A
SS_B	Suma de cuadrados para el factor B
SS_{AB}	Suma de cuadrados para la interacción A x B
$SS_{subtotales}$	Suma de cuadrados para subtotales
SS_E	Suma de cuadrados para el error
Na_2SO_3	Sulfato de sodio
N	Tamaño de la población
σ^2	Varianza poblacional

GLOSARIO

DAS-ELISA	<i>Double Antibody Sandwich ELISA.</i>
ELISA	<i>Enzyme-linked immunosorbent assay.</i>
LSD	<i>Least significant difference.</i>
PCR	<i>Polymerase chain reaction.</i>
RT-PCR	<i>Reverse transcription PCR.</i>
S.N.K	<i>Student-Newman-Keuls.</i>
TSWV	<i>Tomato spotted wilt virus.</i>
Tukey HSD	<i>Tukey Honest Significant Difference.</i>

RESUMEN

El presente estudio tiene como propósito encontrar fuentes de resistencia de la especie *Capsicum annuum* L. (en adelante *C. annuum*), frente a aislados del virus del bronceado del tomate conocido por sus siglas en inglés TSWV de diferentes localidades de Guatemala.

El objetivo general fue evaluar el comportamiento de diez genotipos de la especie *C. annuum*, a través de un diseño factorial mixto de efectos fijos con dos factores aislado y genotipo, con 5 y 10 niveles respectivamente, y pruebas post hoc usando los criterios de Duncan, Tukey y Student-Newman-Keuls (en adelante S.N.K) para seleccionar el genotipo resistente a los distintos aislados del TSWV, así como el aislado más agresivo.

La infección por TSWV por inoculación mecánica fue evaluada a través de ensayos por inmunoabsorción ligado a enzimas usando el método *Double Antibody Sandwich* por sus siglas en inglés DAS-ELISA (en adelante DAS-ELISA), así como por un método visual utilizando una escala de 0 y 1 donde 0 represento las plantas sin síntomas y 1 las plantas con síntomas de la enfermedad.

El genotipo SWP3 evidenció el más alto nivel de resistencia a los cinco aislados evaluados, se sugiere incorporarlo como fuente de resistencia frente al TSWV, en el programa de mejoramiento genético de *C. annuum*. En los cinco aislados evaluados el 3 y el 5 provenientes de Amatitlán, Guatemala y Bárcenas, Villa Nueva fueron los que causaron los más altos niveles de infección, se sugiere utilizarlos en futuros bioensayos para evaluar la resistencia en otros genotipos.

PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

- Contexto general

Dentro de los programas de mejoramiento genético de la empresa East-West Seed (Guatemala), S.A. se encuentra el de la especie *C. annuum*, con enfoque en resistencia a *Orthotospovirus* específicamente al TSWV.

Desde años anteriores se ha venido estudiando genotipos con características morfológicas deseadas para el mercado y con resistencia frente a ataques de patógenos importantes en la región. Se han realizado ensayos de campo en la Finca Santa Teresa, ubicada en Antigua Guatemala, Sacatepéquez, sin embargo, los materiales no han sido sometidos a inoculación mecánica a través de bioensayos bajo condiciones controladas, y no se conoce la reacción que estos tendrán al ser inoculados con diferentes aislados del virus, colectadas en zonas agrícolas del país, es por ello por lo que surge la necesidad de evaluar diez genotipos de *C. annuum* con las mejores características morfológicas ante cinco aislados diferentes de zonas agrícolas, bajo condiciones protegidas.

Para Karavina y Gubba (2017), ante esta situación y la importancia de esta enfermedad a nivel global, al estimar que las pérdidas económicas por esta ascienden a un billón de dólares americanos se ha decidido iniciar un programa de selección a través de bioensayos utilizando diferentes genotipos de la especie *C. annuum* con el fin de obtener materiales que sobrevivan a los distintos aislados del país, debido a que estos pueden tener capacidades infectivas diferentes, todo esto para tener genotipos resistentes que puedan adaptarse a las condiciones

del lugar y a otras zonas productoras en el país y puedan ser fuente de resistencia para otros genotipos.

- Descripción del problema

Se desconoce si existe diferencia estadísticamente significativa a un nivel de significancia del 5 % al evaluar el comportamiento que presentan las plantas de diez genotipos de *C. annuum*, al ser inoculadas mecánicamente con cinco diferentes aislados de TSWV colectadas en zonas agrícolas de Guatemala, se desconoce si existe diferencia estadísticamente significativa en la infección de los cinco aislados en los genotipos de *C. annuum*, mediante un diseño experimental factorial mixto de efectos fijos con dos factores siendo estos aislado y genotipo ambos con diferentes niveles 5 y 10 respectivamente.

- Formulación del problema

Si procedió a formular la pregunta central y las preguntas auxiliares de esta investigación.

- Pregunta central

- ¿Cuáles son los genotipos de la especie *C. annuum* L. que presentan resistencia al TSWV, al ser sometidos a inoculación mecánica de cinco aislados, bajo condiciones controladas, en la Finca Santa Teresa, Antigua Guatemala, Sacatepéquez?

- Preguntas auxiliares
 - ¿Cómo se comportan los diez genotipos de la especie *C. annuum* infectados con las cinco diferentes aislados TSWV mediante inoculación mecánica?,
 - ¿Cómo se relaciona la resistencia de los genotipos de *C. annuum* al TSWV de diferentes localidades después de ser inoculados? y
 - ¿Cuál es el grado de correlación entre la intensidad de síntomas en las plantas de *C. annuum* mediante el método visual y la prueba DAS-ELISA?
- Delimitación del problema

El desarrollo de la investigación se llevó a cabo dentro de un invernadero ubicado en la Finca Santa Teresa, en el municipio de Antigua Guatemala, Sacatepéquez, Guatemala.

OBJETIVOS

General

Evaluar el comportamiento de diez genotipos de la especie *Capsicum annuum* L., a través de un diseño factorial mixto de efectos fijos con dos factores, y tres diferentes pruebas post hoc, para seleccionar plantas resistentes a cinco diferentes aislados de TSWV.

Específicos

1. Identificar el genotipo de *C. annuum* que presenta la menor infección después de ser inoculado mecánicamente con TSWV a través de un análisis de varianza, para conocer la respuesta de las plantas al aislado.
2. Evaluar el comportamiento de cinco aislados de TSWV, provenientes de diferentes localidades de Guatemala, a través de un análisis de varianza, para conocer el aislado que causa la mayor infección en los genotipos.
3. Estimar el grado de correlación entre el valor de absorbancia y la incidencia, a través de un análisis del coeficiente de correlación de Spearman, para conocer si están relacionados entre sí.

MARCO METODOLÓGICO

- Características del estudio

El tipo de estudio que se realizó fue un experimento usando el diseño factorial mixto de efectos fijos con los factores aislado y genotipo, con 5 y 10 niveles respectivamente, donde los tratamientos se formaron combinando los niveles de los factores de estudio, de manera que el efecto del tratamiento τ_i se consideró a su vez compuesto de los efectos de los factores y sus interacciones.

Se utilizó el arreglo factorial mixto 5 x 10, debido a la necesidad de estudiar conjuntamente dos factores obedeciendo a la posibilidad de que el efecto de uno de ellos cambie según los niveles del otro y la interacción entre los factores. La distribución de los tratamientos se realizó al azar. Se pretendió encontrar la combinación de los niveles de los factores que se producen con un valor óptimo de la superficie de respuesta, se investigó el genotipo con la menor incidencia y el aislado más virulento (mayor incidencia) en conjunto, debido a que si se hacía el análisis por separado se tendrían resultados diferentes y sería mucho más difícil describir el comportamiento general del proceso de infección de los materiales y la relación con el virus.

El enfoque del estudio fue mixto, debido a que se tomaron datos cuantitativos (absorbancia) y cualitativos (incidencia) y luego fueron analizados. Se hizo una medición de los síntomas del TSWV en las plantas de *C. annuum* para evaluar la incidencia de la enfermedad. Para los datos de incidencia se obtuvieron los datos de forma visual a través de una escala diagramática de 0 y 1 donde: 0 fueron las plantas sin síntomas, y 1: plantas con síntomas de la

enfermedad. Después de los 21 días de la inoculación mecánica, se observaron los síntomas desarrollados en las plantas susceptibles y se realizó a cada planta inoculada la prueba DAS-ELISA para conocer la reacción inmune del patógeno, así como el valor de absorbancia (UPOV, 2013).

El alcance del estudio fue correlacional, dado que se identificó si los síntomas estaban correlacionados con los valores de absorbancia obtenidos en la prueba DAS-ELISA.

El diseño adoptado fue experimental, se analizó la información obtenida de la respuesta de las plantas de *C. annuum* a la inoculación mecánica del virus, y se generó conocimiento para poder relacionar el nivel de resistencia de los genotipos.

- Unidad de análisis

En cuanto a la unidad de análisis esta fue la población en estudio de las plantas de *C. annuum* la cual se dividió en subpoblaciones dadas por diferentes genotipos, de la cual se evaluaron todas las plantas inoculadas mecánicamente.

- Variables

Las variables evaluadas en el experimento fueron de carácter cuantitativo y cualitativo. La absorbancia fue utilizada para identificar los genotipos resistentes y los aislados más virulentos. La incidencia medida a través de una escala diagramática, se utilizó para correlacionar los datos con los valores de absorbancia e identificar si ambos métodos coincidían. Las variables se describen en la tabla I.

Tabla I. **Variables de estudio**

Variable	Definición teórica	Definición operativa
Absorbancia a 405 nm (<i>A</i>)	Es la cantidad de intensidad de luz que absorbe la muestra y está definida por $A = -\log \frac{I}{I_0}$, siendo <i>I</i> la intensidad después de ocurrida la absorción e <i>I</i> ₀ la intensidad de luz que se hace incidir en la muestra (Díaz, et al., 2016). Variable cuantitativa continua	Medición es adimensional, se refiere a la cantidad de luz absorbida por la muestra se obtiene a través de la prueba DAS-ELISA, escala de razón
Incidencia (<i>I</i>)	Es la proporción de individuos enfermos durante un período de tiempo específico de seguimiento.	Método de observación visual. Medición directa, escala diagramática comprendiendo los valores 0: plantas sin síntomas, 1: plantas con síntomas de la enfermedad. Escala ordinal. Escala de razón

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

- Técnicas de análisis de información

El análisis de datos se realizó utilizando los paquetes de software *Rstudio* e *InfoStat*, versión 2008. En el análisis estadístico el objetivo fue contrastar las hipótesis nulas del diseño factorial mixto, siendo estas: $H_{0A} = \tau_1 = \dots = \tau_a = 0$, es decir, considerando la presencia de las interacciones del factor aislado, se contrastó si los efectos de los niveles del factor genotipo eran nulos; $H_{0B} = \beta_1 = \dots = \beta_b = 0$, es decir, considerando la presencia de las interacciones del factor genotipo, se contrastó si los efectos de los niveles del factor aislado eran nulos; $H_{AB} = \tau\beta_{ij} = 0$ es decir, se contrastó si los efectos de las interacciones entre los factores genotipo y aislado eran nulos.

Para la estimación del modelo de ANOVA se hizo uso de la estadística inferencial paramétrica a través de un análisis de varianza para estimar el modelo ANOVA de una vía usando el *Software Rstudio* a través de la función *aov()*, que sigue la estructura *aov(variable dependiente ~ factor)*.

Al encontrarse diferencias significativas entre las medias, se evaluó a través de pruebas post hoc para determinar qué medias diferían. Las pruebas utilizadas fueron Duncan, Tukey y SNK.

En la correlación lineal de Spearman se usó la estadística inferencial no paramétrica a través de un análisis de correlación. El coeficiente de correlación de Spearman se midió en una escala de 0 a 1, tanto en dirección positiva como negativa. Se usó el *software Rstudio* con la función *cor(x,y, method=spearman)*.

En el ANOVA de una vía se comprobaron los supuestos de independencia, normalidad y homocedasticidad. El supuesto de independencia se evaluó a través de gráficos de dispersión, donde en el eje Y se representaron los valores de los residuos contra el orden en el tiempo. Para el supuesto de homocedasticidad se evaluó utilizando el *software R* a través de las pruebas de Bartlett, Levene y Fligner-Killeen con las funciones *bartlett.test()*, *levene.test()* y *fligner.test()* respectivamente. Finalmente para el supuesto de normalidad de residuos se contrastó la normalidad utilizando el *test* de Shapiro-Wilk, con la función *shapiro.test()*.

- Fases de la investigación

A continuación, se presentan las fases de investigación llevadas a cabo durante el estudio.

- Fase I: revisión documental

En la fase de revisión documental se analizaron artículos científicos y libros de texto para recolectar información acerca de estudios realizados anteriormente con diseños factoriales mixtos y sobre la resistencia a TSWV de genotipos de la especie *C. annuum* y otros cultivos.

- Fase II: diseño y validación de instrumentos de recolección de información

En el diseño experimental factorial mixto se evaluaron diez genotipos de *C. annuum* las cuales fueron sometidas a inoculación mecánica del TSWV bajo condiciones de invernadero. En la tabla II se observa el arreglo de un diseño factorial mixto.

La unidad experimental fueron 9 plantas de los genotipos, distribuidas en tres repeticiones. Los factores fueron los genotipos y los aislados. Se evaluó la población compuesta por todas las plantas de los diez genotipos.

Se evaluaron el número de plantas enfermas por genotipo para calcular la incidencia de la enfermedad, así como también se colectó tejido sintomático de cada planta para posteriormente realizar una prueba DAS-ELISA y obtener el valor de absorbancia.

Tabla II. **Arreglo del diseño experimental factorial mixto**

		Genotipos				
		1	2	3	...	b
Aislados	1	y111, y112, ..., y11n	y121, y122, ..., y12n	y131, y132, ..., y13n		y1b1, y1b2,... y1bn
	2	y211, y212, ..., y21n	y221, y222, ..., y22n	y131, y132, ..., y13n		y2b1, y2b2,... y2bn
	...					
	a	ya11, ya12, ..., ya1n	ya21, ya22, ..., ya2n	y131, y132, ..., y13n		yab1, yab2,... yabn

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

- Fase III: trabajo de laboratorio y campo

Se llevó a cabo trabajo de laboratorio para la preparación de los inóculos virales del TSWV. El inóculo viral se multiplicó en plantas de la especie *Datura stramonium* quince días antes de la inoculación de los genotipos, usando una mezcla compuesta por savia de tejido foliar sintomático, preparando un tampón de inoculación compuesto de fosfato de sodio (KH₂PO₄) y sulfito de sodio (Na₂SO₃) en agua destilada, pH 7.0.

Luego se llevó a cabo una fase de campo que consistió en la siembra de los genotipos de *C. annuum* en bandejas de poliestireno de 40 alveolos conteniendo sustrato estéril, bajo condiciones protegidas. El riego de los genotipos se efectuó diariamente después de la emergencia de las plántulas. A los 35 días después de la siembra se realizó la fertilización de las plantas con el

producto triple 15 (fertilizante granular con los elementos de nitrógeno 15 %, fósforo 15 % y potasio 15 %).

Después de 45 días de la emergencia de las plantas (con dos pares de hojas verdaderas) de los genotipos se llevó a cabo la inoculación de estas utilizando hojas sintomáticas provenientes de plantas de *D. stramonium* previamente infectadas con el virus TSWV. El extracto infectivo se preparó con hojas sintomáticas de *D. stramonium* frescas maceradas y el tampón de inoculación.

Las hojas inoculadas en las plantas de *C. annuum* fueron enjuagadas con agua para remover el exceso del tampón de inoculación y evitar la quema de estas. Al pasar 48 horas se realizó una segunda inoculación usando el mismo procedimiento y método sugerido por Boiteux y De Ávila.

Después de la inoculación las plantas fueron mantenidas en condiciones protegidas en un invernadero. Luego de 21 días después del proceso de inoculación se evaluó la incidencia de la enfermedad usando una escala de 0 y 1 donde: 0 fueron las plantas sin síntomas y 1 las plantas con síntomas (anexo A). Se recolectó tejido foliar de las plantas y posteriormente se analizaron mediante pruebas serológicas *DAS-ELISA*, la lectura de placas se llevó a cabo por medio del equipo fotómetro para lectura de microplacas de 96 pocillos *Thermo Scientific™ Multiskan* con un filtro de 405 nm, se obtuvieron los datos de absorbancia.

- Fase IV: redacción del informe final

Después de tener todos los resultados de la investigación, la información ordenada y analizada se procedió a la redacción del informe final con sus

respectivas conclusiones y recomendaciones de acuerdo con los logros y limitaciones.

INTRODUCCIÓN

Para Wahyuni (2014), la especie *C. annuum* es un cultivo de importancia económica en el mundo, en los últimos 30 años se ha estado expandiendo el mercado. Según Ceballos (2001), un factor importante que limita en muchas ocasiones el mercado es la presencia de plagas y enfermedades, las cuales pueden causar daño potencial que va del 5 % y en muchos casos acabando con todo el cultivo o bien no obteniéndose rendimiento alguno.

El presente estudio es una sistematización que busca evaluar el comportamiento del TSWV el cual se encuentra dentro de los patógenos más devastadores ampliamente distribuidos que afectan al cultivo de *C. annuum*, se utilizó la línea de investigación asociada al diseño y análisis de experimentos.

El control de virus TSWV es difícil debido a que no existen pesticidas o prácticas culturales eficaces para la eliminación de los efectos dañinos que esta causa a las plantas. *C. annuum* es un cultivo que ha sido devastado por patógenos que no se han logrado controlar por lo que surge la mejora genética a través de la cual se obtienen plantas con frutas de buena calidad, buen paquete de resistencia para reducir el uso de pesticidas y asegurar el alto rendimiento para los productores. Hein, (2017) hace referencia a que “durante la última década se han ido incrementando los rendimientos a un 10 %” (pág. 3), esto se ha logrado combinando esfuerzos de mejoramiento genético vegetal y el avance en los cultivos. Según Olatinwo *et. al.* (2008) “en el año 1996, 100 millones de dólares americanos” (p. 1066). Fueron reportados como pérdidas en la especie *C. annuum* provocadas por TSWV.

La estrategia para alcanzar un exitoso manejo del virus es el control preventivo mediante el uso de híbridos resistentes. Por lo tanto, es necesario buscar continuamente genes que confieran o mejoren la resistencia a TSWV para el desarrollo de cultivares.

A través de este estudio se evaluó el comportamiento de diez genotipos de *C. annuum* frente a la inoculación mecánica de cinco aislados del virus TSWV, mediante un diseño factorial mixto 5 x 10 de efectos fijos, con los factores cinco aislados y diez genotipos en tres repeticiones, donde se evaluó la variable de respuesta incidencia de la enfermedad en las plantas que se obtuvo a través del valor de absorbancia obtenida por medio de la prueba serológica DAS-ELISA. Con el estudio se generó información sobre los genotipos del programa de mejoramiento genético de *C. annuum* que presentan resistencias al TSWV.

La información sirvió para diseñar un programa de mejora genética utilizando los genotipos asintomáticos confirmados como resistentes como fuente de resistencia frente al virus para que posteriormente usarlos como parentales de híbridos que puedan ser comercializados, beneficiando directamente a los agricultores al reducir las pérdidas económicas ocasionadas por el virus.

Las fases de la investigación se llevaron a cabo las fases de revisión documental; diseño y validación de instrumentos de recolección de información; la de campo y laboratorio donde se llevó a cabo el proceso de inoculación del virus y posteriormente la identificación de las plantas afectadas a través de la prueba serológica DAS-ELISA.

El informe final del estudio se estructuró en 3 capítulos, el primero se refiere marco teórico donde se describen los aspectos relacionados a la línea de investigación, el patógeno, los métodos de análisis y el marco referencial donde

se describen los estudios previos sobre la resistencia al TSWV mediante la inoculación mecánica y sobre el diseño factorial mixto.

En el segundo capítulo se exponen los resultados obtenidos de la investigación donde se presenta que el genotipo SWP3 fue el que presentó el mejor comportamiento de resistencia frente a los cinco diferentes aislados. En cuanto al análisis de los aislados el 3 y 5 proveniente de Amatitlán y Bárcenas, Villa Nueva respectivamente fueron los que ocasionaban los mayores niveles de absorbancia e infección en las plantas de *C. annuum*. Para el análisis de correlación de la incidencia de la enfermedad y los resultados serológicos usando la prueba DAS-ELISA se encontró correlación entre las variables.

El tercer capítulo presenta la discusión de resultados donde se realizó el análisis interno y externo de la investigación relacionando estudios realizados por otros autores donde al igual que en este estudio se encuentran fuentes de resistencia contra el TSWV, también se encuentran los aislados que causan los síntomas más severos y la correlación entre las variables de interés. De acuerdo con los conceptos estadísticos alcanzados presentan las conclusiones y recomendaciones del estudio.

1. MARCO REFERENCIAL

El TSWV es considerado como una importante amenaza en muchas especies de plantas. Este virus causa daños considerables en cuanto a pérdidas de rendimiento y/o la muerte de las plantas (Parrella, Gognalons, Gebre-Selassie, Vovlas, y Marchoux, 2003).

Los mejoradores de plantas se han enfocado en obtener genotipos con resistencia al virus para crear un banco genético y que estos posteriormente puedan ser usadas en la creación de un híbrido comercial que ayude a disminuir o eliminar las pérdidas ocasionadas por el virus.

1.1. Estudios previos

Resende, Maluf, Figueira, y Resende (2000), realizaron un estudio donde evaluaron genotipos susceptibles y resistentes a Orthotospovirus contra dos fuentes de resistencia en la especie *Solanum lycopersicum* L. y verificaron la correlación estadística entre la concentración de virus determinada mediante DAS-ELISA y la sintomatología. Los síntomas de la enfermedad fueron correlacionados con los valores de absorbancia obtenidos por DAS-ELISA, dentro de cada genotipo evaluado. La significancia de la correlación se evaluó usando el estadístico *Student* (t). La contribución de este estudio es que se ha observado y evaluado que no existe correlación estadística entre los síntomas de la enfermedad y la concentración de la partícula viral.

En un estudio realizado por Nascimento, Pensuk, da Costa, de Assis, Pio, Deom, y Sherwood (2006) se evaluaron las reacciones de tres líneas de

mejoramiento de maní (*Arachis hypogaea*) al TSWV por inoculación mecánica y de trips en condiciones de invernadero. La infección por inoculación se evaluó visualmente utilizando un índice que va desde 0 (sin síntomas) a 4 (muerte apical). La inoculación por trips se evaluó por la reacción en cadena de polimerasa de transcripción inversa (RT-PCR). Las plántulas inoculadas se observaron durante un período de 25 días para el desarrollo de síntomas. El análisis estadístico del experimento se realizó sobre las medias de los índices de la enfermedad en las plantas a través de un ANOVA utilizando el nivel de significancia del 0.05. El aporte de este estudio es la identificación de materiales con un nivel de resistencia mayor que cultivares comerciales.

Cebolla, Soler, Gomar, Soria, y Nuez (2003), realizaron un estudio donde se evaluó la resistencia conferida por el locus Tsw de la variedad *Capsicum chinense* al TSWV. En el estudio se evaluaron 29 accesiones de varias especies de *Capsicum* inoculadas mecánicamente con el virus. La infección viral se evaluó con la prueba ELISA, la absorbancia después de la reacción serológica midió 405 nm utilizando un lector de microplacas. Los datos se analizaron a través de un ANOVA y para la prueba post hoc se utilizó la prueba Student–Newman–Keuls (SNK). Las muestras se consideraron positivas cuando la absorbancia fue mayor que la absorbancia media de los controles en blanco más tres veces la desviación estándar. El aporte de este estudio es la contribución que abre la posibilidad en el desarrollo e identificación de nuevas fuentes de resistencia en pimiento.

Por otro lado, en un estudio realizado por Margaria, Ciuffo, y Turina (2004), sobre variedades de *C. annum* (*C. annum*) previamente demostradas como resistentes al TSWV mostraron los síntomas comunes asociadas a la infección por TSWV. Según estudios realizados se han reportado cepas que rompen la resistencia en *C. annum*.

Por otra parte, en un estudio el virus se aisló y propagó en plantas de *C. annuum*. Las plantas resistentes no mostraron manchas necróticas en las hojas inoculadas, pero los síntomas sistémicos aparecieron cuatro a siete días después de la inoculación en las hojas no inoculadas (Maiss, Ivanova, Breyel, & Adam, 1991).

Según Roggero, Masenga y Tavella (2002), en Italia fueron encontradas cepas de TSWV que quebraron la resistencia en la especie *Capsicum* así mismo en Louisiana, EE.UU por Hobbs, Black, Johnson, y Valverde (1994), España por Margaria, Ciuffo, y Turina (2004), Australia por Sharman y Persley (2006) y Hungría por Gabor, Krizbai, Horvath, y Takacs (2012).

Yang, Ozias-Akins, Culbreath, Gorbet, Mandal y Pappu (2004), evaluaron a través de un estudio la resistencia al TSWV en el cultivo de maní (*A. hypogaea*). Las progenies del maní fueron sometidas a infección natural del virus bajo condiciones del campo en 2001. Se observó incidencia menor en la progenie transgénica en comparación con los no transgénicos. Los datos se sometieron a un ANOVA y pruebas de bondad de ajuste de chi cuadrado. Los valores obtenidos se usaron en la prueba LSD de Fisher para la comparación de los diferentes genotipos evaluados en el experimento. Este estudio se puede usar en un programa de mejora para la resistencia de cultivos.

En un estudio realizado por Maiss (1991), se evaluó el efecto de los trips (*Frankliniella occidentalis*) en la resistencia en la especie *C. annuum* en relación con la propagación del TSWV. Se evaluó el porcentaje de plantas infectadas por virus obtenidas cada semana en los diferentes experimentos, donde fueron analizadas las variables con Genstat y fueron comparadas en cada experimento. Se evaluó el número de trips encontrados en las plantas estudiado mediante el análisis de varianza unidireccional de Kruskal-Wallis. Este estudio aporta

información sobre la resistencia a los tirps entre los materiales de *C. annuum* y los efectos potenciales del tipo de resistencia tanto en la adquisición como en la inoculación de *F. occidentalis*.

Accotto, Nervo, Acciarri, Tavella, Vecchiati, Schiavi, Mason y Vaira, (2005) estudiaron híbridos de la especie *S. lycopersicum* los cuales fueron obtenidos de una progenie homocitoga provenientes de la línea 30-4 con los cuales se evaluó la resistencia al TSWV y el rendimiento de estos bajo condiciones de campo en dos localidades. Ningún híbrido transgénico se infectó, del 33-50 % de los híbridos no transgénicos fueron infectados. Los datos se analizaron con un ANOVA, se midió rendimiento, número de frutos y el peso de los frutos en cada parcela. El aporte del estudio es la importancia de evaluar los cultivos resistentes a TSWV, para la producción de cultivares de interés comercial, para reducir la capacidad del virus para desarrollar cepas que rompan la resistencia.

Por otro lado, Karavina y Gubba (2011), realizaron un estudio a través del cual evaluaron la resistencia natural de genotipos de la especie *S. lycopersicum* al TSWV, en este se inocularon aislados del virus que fueron encontrados en la República de Sudáfrica. En el experimento se usó un diseño de bloques al azar donde se evaluaron los genotipos para poder identificar cuáles eran resistentes. La resistencia se evaluó en función de qué tan graves eran los síntomas de TSWV en las plantas así mismo se realizó una prueba serológica ELISA a los genotipos para así obtener la medición de los niveles de acumulación de viriones de A405 nm. Los datos obtenidos en el experimento se analizaron a través de un ANOVA, los datos fueron sometidos a una prueba post hoc de LSD de Fisher, sin embargo, debido a que los aislados de tenían un nivel viral similar no fueron encontradas diferencias estadísticamente significativas. Este estudio aporta información respecto a que el virus puede ser inoculado mecánicamente sin necesidad de estar el vector, y se puede llegar hasta el 100 % de incidencia.

Srinivasa, Abney, Lai, Culbreath, Tallury y Leal-Bertioli (2018), realizaron una investigación en el cultivo de maní sobre el virus TSWV donde examinaron la diversidad genética y la estructura de esta en la colección de núcleos de maní en los Estados Unidos de América. Se utilizaron marcadores moleculares de repetición de secuencia simple (SSR) y se llevó a cabo un mapeo de asociación entre los marcadores y la resistencia. Se evaluaron 133 marcadores SSR en 104 accesiones. Se utilizó GenAEx 6.5 (*genetic analysis in Excel*) para realizar un análisis de varianza molecular (AMOVA) para calcular la varianza genética dentro y entre las poblaciones de forma no paramétrica utilizando 999 permutaciones. El aporte de este estudio es para la discusión del potencial de los marcadores moleculares en un programa de selección asistido para el cultivo de maní resistente al TSWV.

Ben-Mahmoud, Anderson, Chappell, Smeda, Mutschler. Kennedy, De Jong y Ullman (2009), realizaron un estudio para entender cómo la cantidad de acilsucrosa y la composición de los perfiles de FA (*Fatty acids*) asociados interactúan para mediar la resistencia a la oviposición de *F. occidentalis* y la inoculación de TSWV en las hojas de tomate. Se examinó el comportamiento de inoculación de TSWV en líneas de tomate criadas para exudar cantidades variables de acilsucrosa en asociación con diversos perfiles de FA. Los resultados demostraron que a medida que aumentaron las cantidades de acilsucrosa, se suprimió la inoculación de TSWV. Las comparaciones múltiples entre las líneas de tomate y azúcar de acilo se realizaron utilizando el paquete *emmeans* con el ajuste de multiplicidad predeterminado de Tukey HSD con un nivel de significancia del 0.05. Estos hallazgos apoyan el método de inoculación mecánica para la mejora de la resistencia mediada por el azúcar de acilo contra la WFT al reproducir tomates que exudan mayores cantidades de acilsucrosa asociadas con perfiles específicos de FA.

Olaya, Fletcher, Zhai, Peters, Margaria, Winter, Mitter y Pappu (2020), estudiaron la respuesta a la infección por TSWV en cultivares de tomate con o sin el gen Sw-5, se determinó al nivel de ARN pequeño del virus en la hoja infectada localmente. Los valores de expresión relativos se determinaron ajustando a una distribución normal y evaluando la bondad del ajuste con una prueba de Shapiro-Wilks. Se realizó ANOVA unidireccional y se compararon las diferencias significativas con la prueba de diferencia mínima significativa. Este estudio aporta información sobre la infección sistémica en los cultivos de tomate susceptibles contra los que llevan el gen de resistencia Sw-5.

La revisión de estudios realizados respecto a la resistencia de varios cultivos dentro de ellos el de *C. annuum*, tanto en Guatemala como en otros países, ponen de manifiesto el interés que existe para un mejorador de plantas en tener genotipos con resistencia TSWV para posteriormente usarlos en cruces y obtener híbridos que pueden llegar a ser comerciales y así beneficiar a los agricultores con materiales que reducirán grandes pérdidas económicas.

2. MARCO TEÓRICO

2.1. Diseño de experimentos

El diseño estadístico de experimentos es un procedimiento eficaz para planificar experimentos detalladamente que consiste en determinar cuáles pruebas deben realizarse y el proceso para hacerlas, de manera que los experimentos bien planeados maximizaran la cantidad de información que se puede obtener. Los datos obtenidos al ser analizados proporcionan conclusiones válidas y objetivas, las cuales permiten responder a las interrogantes que se han planteado (Gutiérrez y De La Vara, 2008).

2.1.1. Repetición

Las repeticiones permiten al investigador obtener la estimación del error experimental. Esta se convierte en la unidad básica para poder identificar si las diferencias observadas en los datos obtenidos son estadísticamente significativas. No hay normas fijas que establezcan el número de repeticiones que se deben realizar en el experimento. Estas dependerán de la variabilidad de las muestras y la precisión con que se realizará el experimento (Sánchez, 2009).

2.1.2. Aleatorización

La aleatorización en un experimento consiste en hacer combinaciones al azar. Al aleatorizar se asegura que las diferencias que son provocadas por los genotipos a evaluar y los factores que no están siendo controlados dentro del

experimento sean distribuidos uniformemente en todos los tratamientos a evaluar (Gutiérrez y De La Vara, 2008).

2.2. Diseños factoriales

Los diseños factoriales de experimentos se emplean cuando en la investigación existe intervención de los efectos de dos o más de dos factores, y estos efectos son investigados principalmente al igual que todas las posibles combinaciones que surjan entre los niveles de cada factor (Montgomery, 2005).

2.2.1. Diseño factorial mixto

Un diseño factorial mixto surge debido a la característica que los factores que se pretenden ser estudiados no cuentan con el mismo número de niveles entre ellos (Gutiérrez y De La Vara, 2008).

Según Reyes (2009), en este tipo de diseños se dispone de datos los cuales han sido obtenidos bajo combinaciones de los niveles que se estudian. Este diseño es más frecuente de ser utilizado por la naturaleza discreta o categórica de los factores y un número finito y distinto entre ellos de niveles, y se tiene el interés de evaluar todos ellos.

El modelo del diseño experimental para dos factores se presenta en la figura 1. Donde y_{abn} es la variable de respuesta en la interacción entre los factores A y B en la n réplica.

Tabla III. **Modelo del diseño experimental de dos factores**

		Factor B				
		1	2	3	...	b
Factor A	1	y111, y112, ..., y11n	y121, y122, ..., y12n	y131, y132, ..., y13n		y1b1, y1b2, ..., y1bn
	2	y211, y212, ..., y21n	y221, y222, ..., y22n	y231, y232, ..., y23n		y2b1, y2b2, ..., y2bn
	...					
	a	ya11, ya12, ..., ya1n	ya21, ya22, ..., ya2n	y131, y132, ..., y13n		yab1, yab2, ..., yabn

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Excel.

El modelo estadístico para el diseño factorial, está dado por la ecuación: $Y_{ij} = \mu + \tau_i + \beta_j + \tau\beta_{ij} + \varepsilon_{ij}$ para $i = 1, 2, \dots, a; j = 1, 2, \dots, b; j = 1, 2, \dots, n_1$ donde Y_{ij} es la observación en la unidad experimental j a la que se ha aplicado el tratamiento i ; la media general del experimento está representada por μ ; τ_i es el efecto i –ésimo nivel del factor A; β_j es el efecto del j –ésimo nivel del factor B; $\tau\beta_{ij}$ es el efecto de la interacción entre el factor A y el factor B y siendo ε_{ij} el componente del error aleatorio. Este error experimental es la variación que no es controlada por el investigador la que existe entre los genotipos de la población (Recio-Avilés y Aliaga-Reynaldo, 2016).

En otras palabras, cualquier valor observado es la suma de esos tres componentes.

Cuando los factores son fijos y se supone que los efectos de los tratamientos se definen como desviaciones de la media general, por tanto

$\sum_{i=1}^a \tau_i = 0$ y $\sum_{j=1}^b \beta_j = 0$; también los efectos de interacción son fijos y se definen de manera que $\sum_{i=1}^a \tau\beta_{ij} = 0, j = 1, 2, \dots, b$ y $\sum_{j=1}^b \beta_j = 0, i = 1, 2, \dots, a$.

2.2.1.1. Variables de respuesta

La variable de respuesta es una característica de interés del estudio medida en cada unidad de la muestra y cuyo resultado se pretende explicar. A través de esta se conocen los resultados de las pruebas experimentales, deben medirse los aspectos que ayuden a determinar la magnitud del efecto a observar. Estas variables deben ser medidas con precisión y exactitud (Gutiérrez y De La Vara, 2008).

2.2.1.2. Factores

Los factores son las características que los investigadores controlan durante el experimento para determinar su efecto sobre las variables de respuesta. Un factor puede ser controlado o no controlado, cualitativo o cuantitativo. En los factores cualitativos los niveles expresan una modalidad particular de las características del factor y cada nivel es independiente de los otros. Los factores cualitativos son los que tienen valores correspondientes a cantidades numéricas (De Benitez, Pece, y Galindez, 2010).

El cuanto, a los efectos principales de los factores, estos son el cambio en la respuesta media que surge por un cambio en el nivel de este mismo. Los efectos pueden ser simples, principales y el efecto de interacción entre ambos.

2.2.1.3. Niveles y tratamientos

Es de importancia comprender los niveles de medición, ya que estos junto a la pregunta de investigación dictan el análisis estadístico apropiado. Los tratamientos son los productos, condiciones u organismos que se quieren estudiar, es decir las diferentes combinaciones de niveles de factores a estudiar. El número de tratamientos dentro del ensayo será dado por la cantidad de variables que se quieren comparar, además de estos tratamientos también se debe incluir un tratamiento testigo, el cual consiste en la no alteración del medio a estudiar (De Benitez, Pece, y Galindez, 2010).

2.2.1.4. Unidad experimental

La unidad experimental está definida como la unidad de análisis estadístico a sobre la que el investigador quiere hacer inferencias basándose en la muestra (De Benitez, Pece, y Galindez, 2010).

2.2.1.5. Error aleatorio y error experimental

El error aleatorio está definido como el remanente de variación por los factores que no son controlados por los investigadores o bien que no se pueden controlar, comúnmente estos se deben a causas comunes o aleatorias en las investigaciones. El error experimental es la diferencia entre una medición y el valor real. Si el error experimental predomina, entonces la detección de cuál factor tiene un efecto real sobre la variable de respuesta será difícil o hasta puede ser imposible (Gutiérrez y De La Vara, 2008).

2.2.1.6. Análisis de varianza

En el ANOVA se realiza la comparación de dos muestras que proceden de diferentes grupos de tratamiento en este experimento de diferentes genotipos, estos se distribuyen normalmente con una varianza común.

En la tabla II se presentan las fuentes de variación, los grados de libertad, la suma de cuadrados, el cuadrado medio y el estadístico de la distribución F para un análisis de varianza de un diseño factorial con efectos fijos.

Matemáticamente las sumas de cuadrados se obtienen de la siguiente manera:

Suma de cuadrados total:

$$SS_T = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \sum_{k=1}^n y_{ijk}^2 - \frac{y_{...}^2}{abn} \quad (\text{Ec. 1})$$

Suma de cuadrados para el factor A:

$$SS_A = \sum_{i=1}^a \frac{y_{i..}^2}{bn} - \frac{y_{...}^2}{abn} \quad (\text{Ec. 2})$$

Suma de cuadrados para el factor B:

$$SS_B = \sum_{j=1}^b \frac{y_{.j.}^2}{an} - \frac{y_{...}^2}{abn} \quad (\text{Ec. 3})$$

Suma de cuadrados para la interacción AB:

Primero se calcula la suma de cuadrados para subtotales:

$$SS_{subtotales} = \sum_{i=1}^a \sum_{j=1}^b \frac{y_{ij}^2}{n} - \frac{y_{..}^2}{abn} \quad (\text{Ec. 4})$$

Segundo se calcula SS_{AB} :

$$SS_{AB} = SS_{subtotales} - SS_A - SS_B \quad (\text{Ec. 5})$$

Suma de cuadrados para el error:

$$SS_E = SS_T - SS_{AB} - SS_A - SS_B \quad (\text{Ec. 6})$$

Las medias de cuadrados se definen como la suma de cuadrados dividida entre sus correspondientes grados de libertad.

Cuadrado medio para el factor A:

$$CM_A = \frac{SS_A}{a-1} \quad (\text{Ec. 7})$$

Cuadrado medio para el factor B:

$$CM_B = \frac{SS_B}{b-1} \quad (\text{Ec. 8})$$

Cuadrado medio de la interacción:

$$CM_{AB} = \frac{SS_{AB}}{(a-1)(b-1)} \quad (\text{Ec. 9})$$

Cuadrado medio para el error:

$$CM_E = \frac{SS_E}{ab(n-1)} \quad (\text{Ec. 10})$$

Tabla IV. **Análisis de varianza**

Fuentes de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Cuadrado medio	F
Factor A	a-1	SS _A	CM _A	$F_0 = \frac{MS_A}{MS_E}$
Factor B	b-1	SS _B	CM _B	$F_0 = \frac{MS_B}{MS_E}$
Interacción AB	(a-1)(b-1)	SS _{AB}	CM _{AB}	$F_0 = \frac{MS_{AB}}{MS_E}$
Error	N-t	SS _E	CM _E	
Total	N-1	SS _T		

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Excel.

Para determinar el estadístico Fo de los efectos, se deben observar los valores esperados de las medias de cuadrados definidas anteriormente; y evaluar el efecto que tiene la hipótesis nula.

Las hipótesis para probar son las siguientes:

$$H_0 = \tau_1 = \tau_2 = \dots = \tau_a = 0$$

$$H_a = \text{cuando menos un } \tau_i \neq 0$$

$$H_0 = \beta_1 = \beta_2 = \dots = \beta_b = 0$$

$$H_a = \text{cuando menos un } \beta_i \neq 0$$

$$H_0 = \tau\beta_{ij} = 0, \text{ para todo } ij$$

$$H_a = \text{cuando menos un } \tau\beta_{ij} \neq 0$$

La región de rechazo si $F_o > F_T$ la hipótesis nula se rechaza, en caso contrario se acepta. Donde F_o se obtiene a través de un análisis de varianza y F_T se obtiene por medio de la tabla F.

Los supuestos básicos del ANOVA se describen a continuación:

- Supuesto de independencia

Al aplicarse el muestreo aleatorio se supone independencia de las observaciones, esto resulta importante determinar con el fin de obtener inferencias válidas. Esta es la característica más importante de los datos a analizar debido a que si no se realizó la asignación de forma aleatoria de los tratamientos a las unidades experimentales a evaluar los resultados incluirán un efecto persistente de factores que no están siendo considerados en el análisis y no se bloquearon. Si no cumple el supuesto de independencia se invalida el experimento.

- Supuesto de homocedasticidad

Las poblaciones o muestras dentro de cada tratamiento tienen una misma varianza. Este análisis de los datos es fundamental. Al existir problemas de heterogeneidad de varianzas se pueden realizar transformaciones de los datos o bien el análisis por métodos no paramétricos. La homogeneidad de varianzas se puede realizar a través de la prueba de Bartlett.

- Supuesto de normalidad de residuales

Las poblaciones o muestras dentro de cada tratamiento se distribuyen según la curva normal. Al identificarse la falta de normalidad de los datos a

analizar se puede hacer uso de transformaciones o bien análisis por métodos no paramétricos como en el caso de la homocedasticidad. La prueba de normalidad se puede realizar por medio de Kolmogorov-Smirnov.

2.2.2. Prueba post hoc

Al realizar una prueba post hoc en un experimento se estudia el comportamiento de los tratamientos que difieren significativamente entre sí. La comparación múltiple de medias tiene métodos de corrección que tienden a ser conservadores, lo cual significa que, si bien el ANOVA nos dará un valor significativo de F, el análisis posterior puede no darnos un valor significativo (Dagnino, 2014).

2.2.2.1. Prueba de Duncan

La prueba de Duncan es uno de los métodos más comunes que se usan para comparar las medias de los tratamientos de un estudio (Dafaallah, 2019).

En esta prueba en lugar de comparar la diferencia entre dos medias cualquiera con una diferencia mínima significativa constante, cada par de medias se compara con una diferencia crítica diferente cuyo valor depende de los rangos de estos medios en la matriz ordenada.

La prueba de Duncan consiste en calcular los rangos significativos mínimos mediante la ecuación:

$$D_p = d_\alpha k - gl\ error \frac{\sqrt{CM\ error}}{n} \quad (Ec. 11)$$

Donde p toma valores entre 2 y K siendo K el número de tratamientos se obtiene de la tabla T-9 y CM_{error} es la estimación de la varianza del error. Esta prueba permite comparar los tratamientos que no están relacionados es decir todos contra todos a fin de establecer un orden de méritos

2.2.2.2. Prueba de Tukey

En la prueba de Tukey se utiliza el estadístico de rango estudentizado para realizar todas las comparaciones por pares entre grupos de un estudio. Establece la velocidad de error experimentada a la velocidad de error de la colección para todas las comparaciones pares (IBM, 2021).

En esta prueba se calcula un valor llamado el comparador de Tukey con la ecuación 12.

$$w = q \frac{\sqrt{CM_{error}}}{r} \quad (\text{Ec. 12})$$

Donde q es un valor que se obtiene de la tabla de Tukey. Horizontalmente se coloca el número de tratamientos y verticalmente los grados de libertad del error. El error estándar de la media (CM_{error}) es igual al cuadrado medio del error obtenido en la prueba ANOVA dividido entre el número de repeticiones.

2.2.2.3. Prueba S.N.K.

La prueba de Student-Neuman-Keuls (S.N.K) realiza todas las comparaciones por pares entre los medios que utilizan la distribución de rango estudentizado. Cuando se tienen tamaños de muestras iguales, también, se comprarán pares de medios dentro de subconjuntos que son homogéneos

utilizando un procedimiento gradual. Las medias se ordenan de mayor a menor y las diferencias extremas se prueban en primer lugar (IBM, 2021).

En esta prueba se calcula un valor llamado el comparador de Tukey con la ecuación 13.

$$SNK = Q \frac{\sqrt{CM\ error}}{r} \quad (\text{Ec. 13})$$

Donde Q es el valor tabular en la tabla específica de SNK. El error estándar de la media ($CM\ error$) es igual al cuadrado medio del error obtenido en la prueba ANOVA dividido entre el número de repeticiones.

2.2.3. Correlación de Spearman

La correlación entre los conjuntos de datos es una medida para saber qué tanto están relacionados. El coeficiente de correlación de jerarquías de Spearman es también llamado Rho de Spearman. Es una medida de asociación lineal en el que se utilizan los rangos, números de orden, de cada grupo de sujetos y compara dichos rangos. Permite conocer el grado de asociación entre ambas variables con Rho de Spearman, es posible determinar la dependencia o independencia de dos variables aleatorias (Mandragon, 2014).

Un valor de 0 indica que no hay relación lineal entre las variables. Un valor de 1 o -1 indica, respectivamente, una correlación positiva perfecta o negativa perfecta entre dos variables. Normalmente, el valor de se ubicará en alguna parte entre 0 y 1 o entre 0 y -1 . El coeficiente se calcula mediante la siguiente ecuación:

$$r_s = 1 - \frac{6 \sum_{i=1}^n d_i^2}{n(n+1)(n-1)} \quad (\text{Ec. 14})$$

Donde r_s es el coeficiente de correlación, n es la cantidad de datos que se clasifican, x_i es el rango de datos i con respecto a una variable, y_i es el rango de datos i con respecto a una segunda variable, d_i es la diferencia entre los rangos de X y Y (Anderson, Sweeney y Williams, 1999).

En la tabla siguiente se observan las características del estadístico r_s

Tabla V. **Coeficiente de correlación de Spearman**

Valor del coeficiente de Spearman	Grado de correlación entre las variables
$r = 0$	No existe correlación
$r = 1$	Asociación positiva entre X y Y perfecta
$0 < r < 1$	Correlación positiva
$r = -1$	Asociación negativa entre X y Y perfecta
$-1 < r < 0$	Correlación negativa

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Excel.

2.3. Género *Capsicum*

La clasificación del género *Capsicum* es que pertenece a la familia *Solanaceae*, del orden *Solanales*, a la clase *Magnoliopsida*, a la categoría *Magnoliophita* del reino *Plantae*. *Capsicum* incluye diferentes tipos de chiles que son reconocidos en el mercado de forma fácil esto debido a las características morfológicas de tamaño, forma y color de frutos asimismo el grado de pungencia que estos presentan (Pozo, Montes y Redondo, 1991).

El género *Capsicum* incluye 33 especies y 10 variedades o variantes (Pérez, Castañón, Ramírez y Mayek, 2015).

2.3.1. Especie *C. annuum*

De las especies del género *Capsicum*, *C. annuum* es la especie comercial más ampliamente cultivada en el mundo, con importancia en la dieta alimentaria (Wahyuni, Ballester, Sudarmonowati, Bino y Bovy, 2013).

Los frutos son ricos en proteínas, lípidos, carbohidratos, fibras y sales minerales (Ca, P, Fe) y en vitaminas A, D₃, E, C, K, B₂, B₁₂. Esta especie se caracteriza por accesiones picantes y no picantes con crecimiento de hierbas o pequeños arbustos y frutos que tienen diferentes tamaños, formas y colores en la madurez (Orobiyi *et. al.*, 2013).

2.4. Mejoramiento genético

La especie *C. annuum* fue predominantemente domesticado primero en América y luego introducido al resto del mundo. El mejoramiento genético de *Capsicum* comenzó inicialmente como una selección de mejorar especies silvestres para diferentes propósitos (menos incidencia de enfermedades, alto rendimiento, características fenotípicas deseadas) y posteriormente se basó en la selección de fenotipos promisorios dentro de poblaciones así mismo siguiendo esquemas de mejora genética clásica como es la hibridación seguido de la selección. Este método de selección ha sido ampliamente utilizado y a través de este se ha logrado la mejora de importantes especies de uso agrícola. Para el mejoramiento se necesita conocer la información sobre el genoma, estructura de poblaciones, diversidad y las relaciones filogenéticas de *Capsicum*, Dentro de los métodos más empleados de mejoramiento se encuentran la selección masal y las retrocruzas (Santana *et. el.*, 2018).

Una característica de las plantas que han sido mejoradas es que cuando el tejido vegetal tiene contacto con un patógeno al que ellas tienen resistencia es activado un mecanismo de acción. En este se produce un efecto fenotípico el cual desencadena una reacción de hipersensibilidad ante la presencia del patógeno. La reacción de hipersensibilidad consiste en la aparición de lesiones necróticas focalizadas el tejido de las plantas las cuales confinan la infección del patógeno en su punto de entrada e impiden que se produzca una invasión sistémica en el tejido.

2.4.1. Genotipo

El genotipo de una planta es su constitución genética. Puede referirse al genoma completo, a la secuencia de ADN de genes individuales o a una colección de puntuaciones en diferentes marcadores genéticos. Este contiene los alelos de un individuo en un locus o varios de sus loci, puede ser definido con el conjunto de los genes existentes en cada uno de los núcleos celulares de los individuos pertenecientes a una determinada especie vegetal. Se utiliza una serie de marcadores genéticos para genotipar individuos de una población, con la información obtenida a través de la genotipificación se revela el efecto mosaico creado por la herencia de diferentes porciones de los cromosomas parentales, que surge debido a la recombinación entre los cromosomas parentales durante la meiosis. El genotipo describe un grupo de miembros que tienen los mismos genes (Zeron, 2010).

2.5. Virus del bronceado del tomate

El TSWV es una entidad infectiva de tamaño microscópico, se multiplica intracelularmente y es patogénico, contiene ARN que tiene partículas virales isométricas esféricas las cuales están unidas a la membrana con un diámetro

que va desde los 70 a 90 nm. Este virus se propaga con mucha rapidez. El genoma del virus consta de un ARN monocatenario existiendo tres cadenas con polaridad negativa ambisentido clasificadas en L (8.9 kb), M (4.9 kb) y S (2.9 kb). compuestas de ARN monocatenario de sentido negativo (L) o que codifican en ambos sentidos de lectura (M y S) (Aramburu, Galipienso, Soler y López, 2007).

Una característica del TSWV es que requiere de la presencia de un vector para diseminarse, estos vectores son los insectos trips que pertenecen a la familia *Thripidae* a la cual pertenece el insecto *Frankliniella occidentalis* P. es el principal vector (Resende, Maluf, Figueira, y Resende, 2000).

El TSWV se propaga con mucha rapidez y causa graves daños en las plantaciones si encuentra las condiciones favorables y no se controla a tiempo. Los síntomas son diferentes según la especie afectada. En *C. annuum* son muy llamativos y característicos los dibujos en forma de grabados o arabescos en las hojas. En fruto se muestran frecuentes los círculos concéntricos, en ocasiones con ligero relieve. En cualquier caso, ante síntomas anormales y para su correcta identificación, es imprescindible tomar muestras para la confirmación en el laboratorio mediante la prueba DAS-ELISA que no es más que una prueba serológica que se basa en la utilización de las propiedades inmunológicas de los anticuerpos y en la amplificación de la reacción por una enzima ligada a ellos (Aramburu, Galipienso, Soler y López, 2007).

3. PRESENTACIÓN DE RESULTADOS

De acuerdo con los objetivos propuestos se presentan los siguientes resultados.

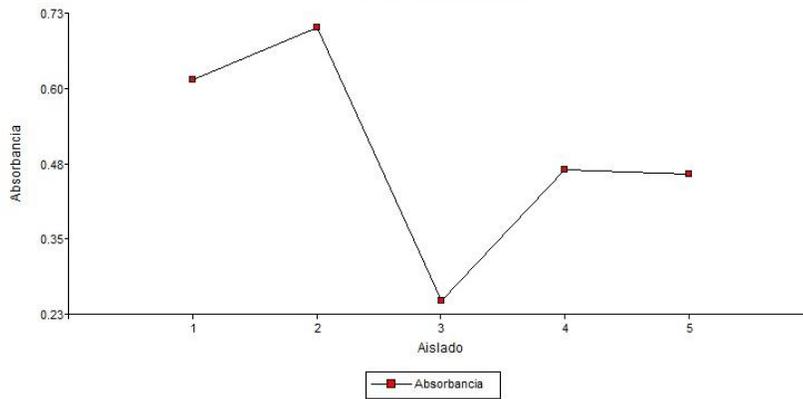
3.1. Objetivo 1. Identificación del genotipo de *C. annuum* con la menor infección después de ser inoculado mecánicamente con TSWV y Objetivo 2. Evaluación del comportamiento de cinco aislados de TSWV provenientes de diferentes localidades de Guatemala

El experimento se llevó a cabo por medio de un diseño factorial mixto de efectos fijos con dos factores aislados y genotipos, 5 y 10 niveles respectivamente. No se evaluaron factores de bloqueo y los efectos fueron fijos. Los efectos principales son los cambios en la medida de la variable de respuesta los cuales se deben a la acción individual por parte de cada factor. En cuanto al efecto de interacción, se conforma por dos factores que interactúan significativamente sobre la variable de respuesta, donde el efecto de uno de ellos dependerá del nivel en que esté el otro (Gutiérrez y De La Vara, 2008).

3.1.1. Efectos de los factores

El efecto principal del factor aislado se presenta gráficamente en la figura 2, donde se observa un comportamiento no lineal entre los 5 diferentes aislados, el aislado 3 proveniente de Amatitlán es el que tiene la media de respuesta más baja comparado con los otros aislados.

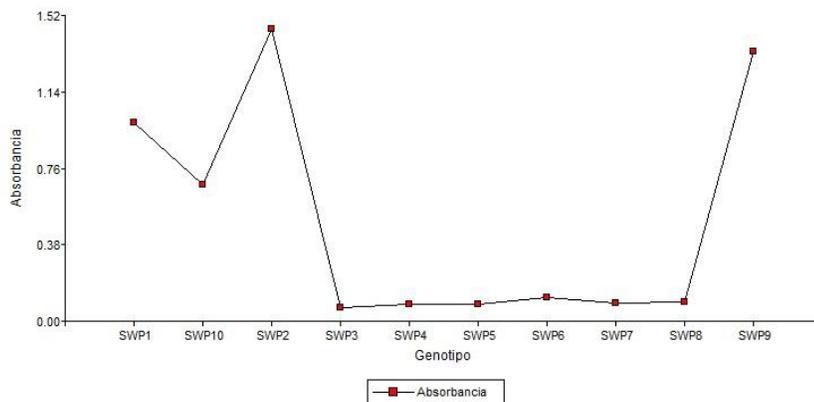
Figura 1. Efecto principal del factor aislado (A)



Fuente: elaboración propia, empleando InfoStat.

El efecto principal del factor genotipo se presenta gráficamente en la figura 3, donde se observa un comportamiento no lineal entre los 10 diferentes genotipos, se infiere que los seis genotipos SWP3, SWP4, SWP5, SWP6, SWP7 y SWP8 son estadísticamente iguales al tener las medias de respuesta más bajas comparado con los otros.

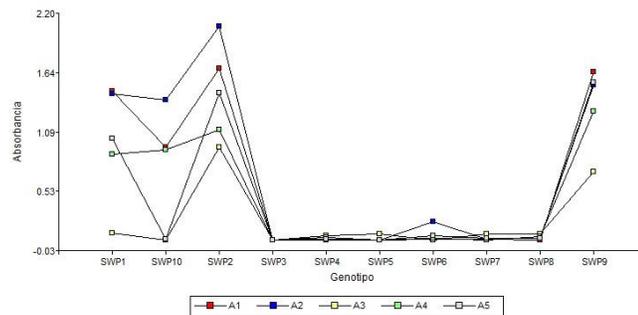
Figura 2. Efecto principal del factor genotipo (B)



Fuente: elaboración propia, empleando InfoStat.

El efecto principal de la interacción de los factores aislado y genotipo se observa gráficamente en la figura 4, donde no existe un comportamiento lineal y es probable que tenga un efecto sobre el nivel de absorbancia.

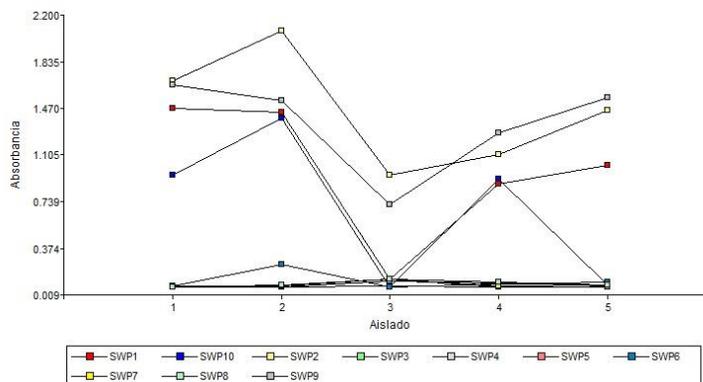
Figura 3. Efecto de la interacción A x B



Fuente: elaboración propia, empleando InfoStat.

El efecto principal de la interacción de los factores genotipo x aislado se observa gráficamente en la figura 5, donde no existe un comportamiento lineal y es probable que tenga un efecto sobre el nivel de absorbancia.

Figura 4. Efecto de la interacción B x A



Fuente: elaboración propia, empleando InfoStat.

3.1.2. ANOVA

En la siguiente tabla se presentan los resultados del análisis de varianza para el diseño factorial mixto 5 x 10 con efectos fijos. El R^2 ajustado de 0.999 logra predecir en un 99 % la variabilidad de la absorbancia. El coeficiente de variación asociado al análisis de varianza es de 0.92 %, por lo que se concluye que las unidades experimentales fueron manejadas de forma homogénea.

Tabla VI. **Resultados del R^2**

Variable	N	R^2	R^2 Aj	CV
Absorbancia	150	0.999962	0.999943	0.918256

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

- Hipótesis planteadas

Efecto principal del factor A:

$$H_o = \text{Efecto del factor Aislado} = 0$$

$$H_a = \text{Efecto del factor Aislado} \neq 0$$

Efecto principal del factor B:

$$H_o = \text{Efecto del factor Genotipo} = 0$$

$$H_a = \text{Efecto del factor Genotipo} \neq 0$$

Efecto de la interacción

$$H_o = \text{Efecto de la interacción del factor Aislado} \times \text{Genotipo} = 0$$

$$H_a = \text{Efecto de la interacción del factor Aislado} \times \text{Genotipo} \neq 0$$

Tabla VII. **Resultados ANOVA**

F.V.	SC	gl	CM	F	p-valor
Modelo	55.33013	49	1.129186	53129.84	<0.0001
Genotipo	43.47599	9	4.830665	227289.8	<0.0001
Aislado	3.619074	4	0.904769	42570.67	<0.0001
Genotipo*Aislado	8.235067	36	0.228752	10763.11	<0.0001
Error	0.002125	100	0.000021		
Total	55.33225	149			

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

Se observó en el ANOVA que tanto para el factor aislado, genotipo y la interacción existe diferencia significativa sobre la variable de respuesta, trabajando a un nivel de significancia del 0.05, por lo tanto, se rechazan las hipótesis nulas planteadas indicando así que al menos un aislado y un genotipo tienen un efecto diferente sobre la variable de respuesta. Se realizaron pruebas post-hoc bajo el criterio de Duncan Tukey y S.N.K

3.1.3. Pruebas post-hoc

Las pruebas post hoc muestran la diferencia que existe entre las medias que se han pronosticado por el modelo para los pares de los niveles de cada factor. Estas se describen a continuación.

3.1.3.1. Prueba de Duncan

Bajo el criterio de Duncan se encontró que la absorbancia se maximiza cuando se trabaja con el aislado 2, con una media de 0.7068.

Tabla VIII. **Resultados prueba de Duncan para el factor aislado**

Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
3	0.2526	30	0.0008	A
5	0.4616	30	0.0008	B
4	0.4698	30	0.0008	C
1	0.6195	30	0.0008	d
2	0.7068	30	0.0008	e

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

En cuanto al factor genotipo se observó que la absorbancia se minimiza cuando se trabaja con el genotipo SWP3.

Tabla IX. **Resultados prueba de Duncan para el factor genotipo**

Genotipo	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	0.0725	15	0.0012	a
SWP5	0.0855	15	0.0012	b
SWP4	0.0868	15	0.0012	bc
SWP7	0.0901	15	0.0012	c
SWP8	0.0962	15	0.0012	d
SWP6	0.1191	15	0.0012	e
SWP10	0.6814	15	0.0012	f

Continuación tabla VIII.

Genotipo	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP1	0.9899	15	0.0012	g
SWP9	1.3455	15	0.0012	h
SWP2	1.4535	15	0.0012	i

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

En la interacción de los factores las combinaciones que minimizan la variable de respuesta del valor de absorbancia son: SWP3, A5; SWP5, A4; SWP8, A1 y SWP6, A3 y la combinación maximizan la variable de respuesta es: SWP2, A2.

Tabla X. **Resultados prueba de Duncan para la interacción**

Genotipo	Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	5	0.0697	3	0.0027	a
SWP5	4	0.0703	3	0.0027	a
SWP8	1	0.0703	3	0.0027	a
SWP6	3	0.071	3	0.0027	a
SWP2	2	2.0777	3	0.0027	bb

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

3.1.3.2. Prueba de Tukey

Bajo el criterio de Tukey se encontró que la absorbancia se maximiza cuando se trabaja con el aislado 2, con una media de 0.7068, coincidiendo con los resultados obtenidos con la prueba de Duncan.

Tabla XI. **Resultados prueba de Tukey para el factor aislado**

Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
3	0.2526	30	0.0008	a
5	0.4616	30	0.0008	b
4	0.4698	30	0.0008	c
1	0.6195	30	0.0008	d
2	0.7068	30	0.0008	e

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

En cuanto al factor genotipo se observó que la absorbancia se minimiza cuando se trabaja con el genotipo SWP3.

Tabla XII. **Resultados prueba de Tukey para el factor genotipo**

Genotipo	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	0.0725	15	0.0012	a
SWP5	0.0855	15	0.0012	b
SWP4	0.0868	15	0.0012	b
SWP7	0.0901	15	0.0012	b
SWP8	0.0962	15	0.0012	c
SWP6	0.1191	15	0.0012	d
SWP10	0.6814	15	0.0012	e
SWP1	0.9899	15	0.0012	f
SWP9	1.3455	15	0.0012	g
SWP2	1.4535	15	0.0012	H

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

En la interacción de los factores las combinaciones que minimizan la variable de respuesta del valor de absorbancia son: SWP3, A5; SWP5, A4; SWP8, A1 y la combinación maximizan la variable de respuesta es: SWP2, A2.

Tabla XIII. **Resultados prueba de Tukey para la interacción**

Genotipo	Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	5	0.0697	3	0.0027	a
SWP5	4	0.0703	3	0.0027	a
SWP8	1	0.0703	3	0.0027	a
SWP9	1	1.6513	3	0.0027	u
SWP2	1	1.6827	3	0.0027	w
SWP2	2	2.0777	3	0.0027	x

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

3.1.3.3. Prueba de S.N.K.

Bajo el criterio de S.N.K. se encontró que la absorbancia se maximiza cuando se trabaja con el aislado 2, con una media de 0.7068, coincidiendo con los resultados obtenidos con la prueba de Duncan y Tukey.

Tabla XIV. **Resultados prueba S.N.K. para el factor aislado**

Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
3	0.2526	30	0.0008	a
5	0.4616	30	0.0008	b
4	0.4698	30	0.0008	c
1	0.6195	30	0.0008	d
2	0.7068	30	0.0008	e

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

En cuanto al factor genotipo se observó que la absorbancia se minimiza cuando se trabaja con el genotipo SWP3, coincidiendo con la prueba Duncan y Tukey.

Tabla XV. **Resultados prueba S.N.K para el factor genotipo**

Genotipo	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	0.0725	15	0.0012	a
SWP5	0.0855	15	0.0012	b
SWP4	0.0868	15	0.0012	bc
SWP7	0.0901	15	0.0012	c
SWP8	0.0962	15	0.0012	d
SWP6	0.1191	15	0.0012	e
SWP10	0.6814	15	0.0012	F
SWP1	0.9899	15	0.0012	g
SWP9	1.3455	15	0.0012	h
SWP2	1.4535	15	0.0012	I

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

En la interacción de los factores las combinaciones que minimiza la variable de respuesta del valor de absorbancia son: SWP3, A5; SWP5, A4; SWP8, A1 y la combinación maximizan la variable de respuesta es: SWP2, A2, las cuales coinciden con las reportadas en la prueba post-hoc bajo el criterio de Tukey.

Tabla XVI. **Resultados prueba S.N.K. para la interacción**

Genotipo	Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	5	0.0697	3	0.0027	a
SWP5	4	0.0703	3	0.0027	a
SWP8	1	0.0703	3	0.0027	a
SWP2	1	1.6827	3	0.0027	y
SWP2	2	2.0777	3	0.0027	z

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

3.1.4. Validación de supuestos

Los resultados de los supuestos de normalidad, homocedasticidad e independencia se presentan a continuación:

Dado que se tienen 50 eventos se emplea la prueba de normalidad de Shapiro Wilk. El resultado de la prueba nos da el valor de $w = 0.99034$, $P\text{-valor} = 0.3951$. La prueba de hipótesis no muestra evidencia de falta de normalidad. Así mismo en la figura 2 se observa gráficamente la distribución normal de los datos.

La homocedasticidad se evaluó utilizando la función *leveneTest()* del paquete *car*, la función de *fligner.test* y *Bartlett.test* en el software *Rstudio*. Los resultados se presentan a continuación:

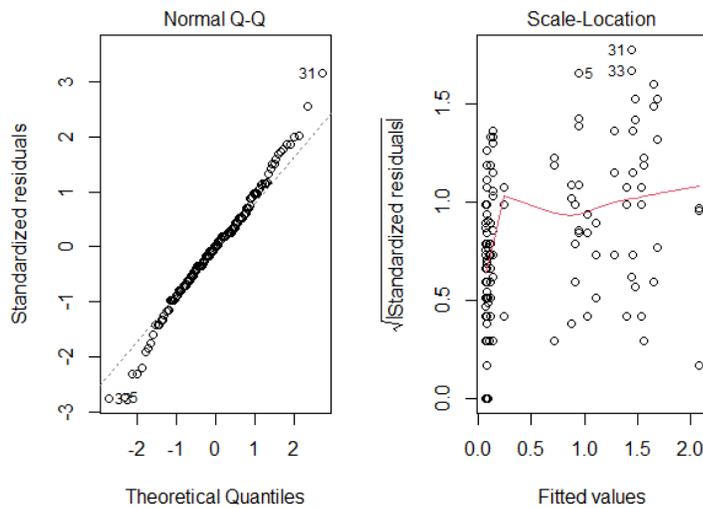
Tabla XVII. **Resultados de pruebas del supuesto de homocedasticidad**

Prueba	P-valor
Levene	0.8573
Fligner-Killeen	0.9411
Bartlett	0.3951

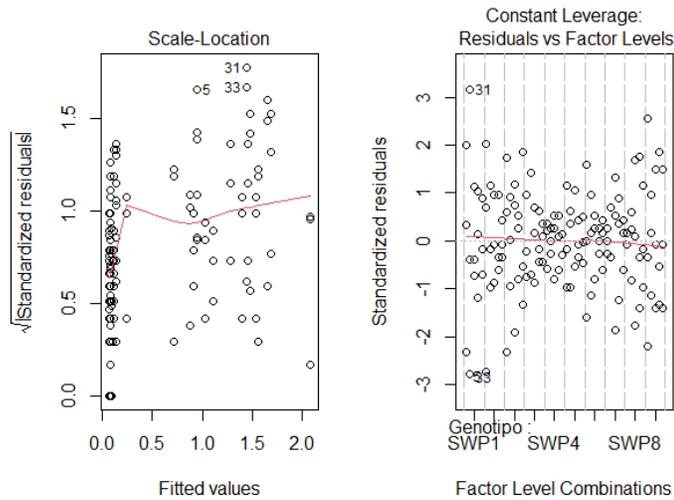
Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

Según los resultados de las pruebas para evaluar la homocedasticidad los resultados del P-valor presentados en la tabla XVI mayores que el nivel de significancia del 0.05 indican que se acepta la hipótesis nula indicando así que no hay diferencias significativas entre las varianzas de los grupos. En la figura 3 se pueden observar los resultados de la prueba donde se observa el cumplimiento de homocedasticidad. En la figura 2 se observa gráficamente que los residuos son aleatorios, independientes y homocedásticos.

Figura 5. **Gráficos para la validación de supuestos**



Continuación figura 6.

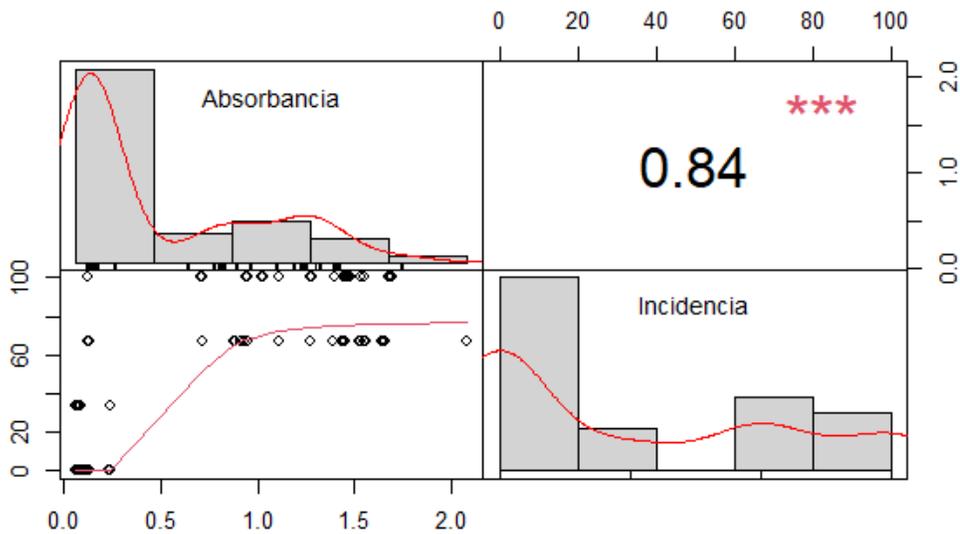


Fuente: elaboración propia, empleando InfoStat.

3.2. Objetivo 3. Estimación del grado de correlación entre el valor de absorbancia a 405 nm y la incidencia obtenida mediante la escala de observación visual

Con el fin de conocer la relación existente entre el valor de absorbancia y la incidencia de TSWV en plantas de genotipos de *C. annuum* se observa una matriz de diagramas de dispersión en la siguiente figura:

Figura 6. **Comportamiento de dispersión de las variables**



Fuente: elaboración propia, empleando InfoStat.

Para identificar el tipo de correlación fue importante revisar los supuestos de normalidad a través de la prueba de Shapiro-Wilk donde con un P-valor < 0.0001 se rechaza la hipótesis nula y se concluye que los valores de Absorbancia e Incidencia no son normales por lo que se evaluó una correlación de Spearman.

El valor r de Spearman fue de 0.793 lo que nos indica una correlación positiva y fuerte entre las variables lo que se traduce que en la medida que aumentan los valores de la incidencia aumentan también los de absorbancia y viceversa. En la tabla XVII se presentan los resultados de la cuantificación del grado de correlación lineal.

Tabla XVIII. **Coefficientes de correlación**

	Absorbancia	Incidencia
Absorbancia	1.000	0.840
Incidencia	0.793	1.000

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

Hipótesis

- H_0 : no hay asociación entre las variables de Incidencia y Absorbancia
- H_a : si hay asociación entre las variables de Incidencia y Absorbancia

La prueba de Spearman muestra la alta correlación. Sin embargo, para poder considerar que existe realmente correlación entre la Absorbancia y la Incidencia se calculó la significancia aplicando la función *cor.test()* en el software Rstudio. Se identifica un p-value de $< 2.2e-16$ por lo que se rechaza la hipótesis nula y se acepta la alterna indicando así que si hay asociación entre las variables de Incidencia y Absorbancia y que esta no se debe al azar.

Tabla XIX. **Coefficientes**

	Estimate	Std. Error	t value	Pr(> t)
(Intercept)	0.0687811	0.0355946	1.932	0.0552
Incidencia	0.0130857	0.0006961	18.799	<2e-16

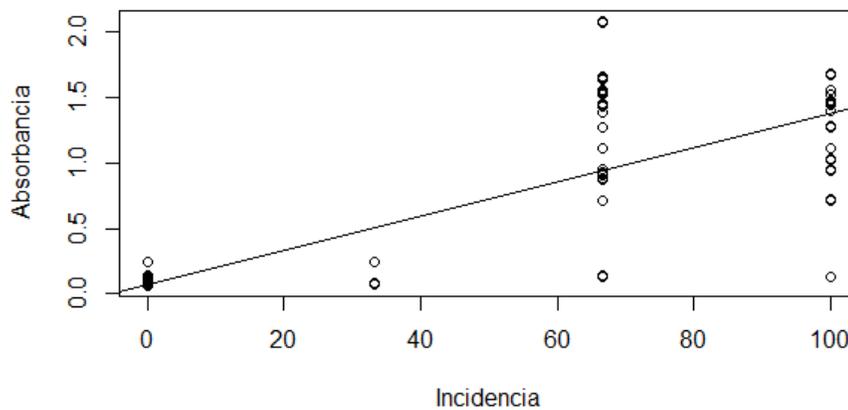
Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Word.

De acuerdo con los resultados anteriores la ecuación de la recta de mínimos cuadrados es:

$$y = 0.0688 + 0.0131 x \quad (\text{Ec. 13})$$

En la figura 8 se observa la representación gráfica de la recta de mínimos cuadrados.

Figura 7. **Relación entre la Incidencia y la absorbancia**



Fuente: elaboración propia, empleando InfoStat.

El coeficiente de determinación mide la bondad de ajuste de la recta a los datos la cual es de 70.48 %.

4. DISCUSIÓN DE RESULTADOS

Los resultados presentados se discuten y se analizan a continuación.

4.1. Análisis interno

Para cumplir con el objetivo 1, que corresponde a la identificación del genotipo de *C. annuum* con el menor valor de absorbancia a 405 nm, después de ser inoculados mecánicamente con el TSWV, se realizó un ANOVA para evaluar diez genotipos de *C. annuum* frente a cinco aislados de los virus procedentes de diferentes localidades del país evidenciando la siguiente información:

En los resultados del ANOVA presentados en la tabla VI, se observan p-valores de <0.0001 , un valor mucho menor al nivel de significancia máximo permitido de 0.05 indicando así que existe diferencia estadística en cuanto a los valores de absorbancia, los genotipos y sus interacciones. Con base en la información obtenida en el ANOVA, se realizaron análisis post hoc mediante el criterio de Duncan, Tukey y S.N.K.

Para el factor aislado en las tres pruebas post hoc se identificó que el que causó los mayores niveles de absorbancia después de 21 días de inoculación mecánica sobre los genotipos fue el aislado 3 proveniente de parcelas con plantas infectadas con TSWV en el municipio de Amatlán. El segundo aislado más infectivo fue el 5, proveniente de parcelas con plantas infectadas del área de Bárcenas, Villa Nueva. Estos dos aislados fueron los que causaron los síntomas más severos en el tejido foliar, por lo que en los próximos bioensayos

se puede hacer uso de estos para poder evaluar la resistencia de genotipos de *C. annuum* frente a la inoculación mecánica del TSWV.

Para el factor genotipo en las tres pruebas post hoc se identificó que el genotipo de *C. annuum* que presentó los niveles más bajos de absorbancia fue el SWP3, evidenciando tener el mejor comportamiento ante los cinco aislados bajo las condiciones del bioensayo. El segundo mejor genotipo fue el SWP5 evidenciando buen comportamiento ante los aislados.

Para cumplir con el objetivo 3, sobre la estimación del grado de correlación entre el valor de absorbancia y el método de evaluación visual de la enfermedad utilizando la escala de 0 y 1, donde el 0 representa a las plantas sin síntomas de la enfermedad y el 1 las plantas con síntomas, se realizó un análisis de correlación de Spearman.

El análisis de correlación sirvió para identificar la intensidad en la relación entre las variables de incidencia de la enfermedad causada por TSWV y el valor de absorbancia, el Rho de Spearman fue de 0.793, indicando así que si hay correlación fuerte entre las variables. El análisis de correlación de Spearman es una técnica que se utilizó porque los datos de ambas variables no cumplieron con los supuestos de normalidad, el análisis permitió identificar que si hay relación entre ambas variables con dirección positiva y fuerte. Para considerar que si había correlación entre las variables se calculó la significancia y dado que el valor es menor que el valor crítico 0.05 se rechaza la hipótesis nula concluyendo que la correlación si es significativa y existente y que no se debe al azar.

4.2. Análisis externo

El TSWV es una importante amenaza para el cultivo del *C. annuum* debido a los considerables daños que causa en el follaje y a las pérdidas de rendimiento. Resende, Maluf, Figueira, y Resende (2000) también realizaron una evaluación de genotipos resistentes y susceptibles al TSWV donde el objetivo al igual que el de la investigación fue buscar fuentes de resistencia sin embargo en este estudio se evaluó la especie *Solanum lycopersicum* L. que al igual que el *C. annuum* también es atacada por el TSWV.

En la evaluación del bioensayo de los genotipos de *C. annuum* se observó en las plantas resistentes lesiones necróticas locales concentricas en el tejido foliar a los cinco días después de ser inoculado mecánicamente con el virus. Las lesiones causadas por el virus aparecieron después de los cinco días de ser inoculados, este tiempo coincide con la aparición de síntomas en las plantas en un estudio realizado por Nascimento *et. al.* (2006), se observó en las plantas susceptibles las lesiones necroticas y cloróticas locales, subsecuentemente se mostraron mosaicos, distorsión foliar, retraso en el crecimiento así como la muerte apical. Las hojas que se necrosaron se abdicaron antes de los 14 días de la inoculación.

En el experimento se encontró diferencia significativa en la reacción del virus en los diferentes genotipos, la evaluación del valor de absorvancia presento diferencia estadística significativa, donde se concluyó que el mejor genotipo fue el SWP3 el cual no presento sintomas de la enfermedad y que tuvo valores de absorvancia bajos indicando así la ausencia de las partículas virales de TSWV. Los valores de absorvancia se obtuvieron de la prueba serológica DAS-ELISA que se realizó al follaje de las plantas de los diversos genotipos. De acuerdo a información de un ensayo de genotipificación que se realizó durante el año 2019

al genotipo SWP3 en la empresa *Hortigenetics Research S.E. Asia Limited*, donde se conoció la presencia del gen *tsw* al genotipo la cual confiere la resistencia al TSWV. El genotipo SWP3 respondió de manera similar a los cinco aislados de TSWV evaluados, los cuales son provenientes de plantas enfermas de localidades de Guatemala de Antigua Guatemala, Amatitlán (2 aislados), Sanarate y Bárcenas, Villa Nueva.

La evaluación de los cinco aislados provenientes de diferentes localidades del país se hizo para identificar si estos tenían el mismo comportamiento, debido a que de acuerdo a un estudio realizado por Roggero *et. al.* (2002) y Margaria *et. al.* (2004), sobre variedades de *C. annuum* que previamente habían demostrado tener resistencia al TSWV existe la quiebra de resistencia en genotipos de *C. annuum* que han sido encontrados en diferentes aislados, sin embargo, en el estudio no se encontró quiebra de resistencia por parte de alguno de los cinco aislados, sólo se registró el comportamiento más agresivo en los genotipos inoculados con los aislados 3 y 5 provenientes de Amatitlán y Bárcenas villa nueva respectivamente.

En un estudio realizado por Nascimento *et. al.* (2006), se evaluaron genotipos en condiciones similares a las del presente ensayo en la especie *Arachis hypogaea*. La evaluación de los materiales al igual que en este experimento se realizó por medio de una escala visual de los síntomas de la enfermedad, la diferencia es que se utilizó en lugar de la prueba ELISA la prueba de cadena de polimerasa de transcripción inversa (RT-PCR). En la evaluación de resistencia se encontraron materiales que son fuente de resistencia para futuros procesos de cruzamiento de líneas parentales para poder obtener un híbrido comercial con resistencia al TSWV.

La evaluación de la correlación estadística entre la concentración del virus expresada en un valor de absorbancia a 405 nm identificado mediante la prueba DAS-ELISA y la incidencia de la enfermedad evaluada de forma visual utilizando la escala de 0 y 1 donde 0 fueron las plantas sin síntomas de la enfermedad y 1 las plantas con síntomas del virus. La correlación entre las variables de absorbancia e incidencia evaluada con el coeficiente de Spearman dio un valor Rho de 0.793 indicando una correlación fuerte entre las variables y que se considera que no se debe al azar. La correlación entre las variables servirá para poder elegir entre cualquiera de los métodos, tanto la evaluación visual o la serológica, para poder utilizar ambos, sin embargo, para disminuir costos y tiempo se pretende usar el método visual utilizando la escala al no haber diferencia entre ambos y existir una correlación fuerte, donde si el valor de incidencia en campo aumenta así lo hará también el valor a obtener de absorbancia mediante la prueba DAS-ELISA. Los resultados de esta investigación concuerdan con los obtenidos por Cebolla, Soler, Gomar, Soria y Nuez (2003), donde se identificaron nuevas fuentes de resistencia después de someter genotipos de *C. annuum* a la inoculación mecánica del TSWV.

CONCLUSIONES

1. Se identificó mediante un ANOVA la existencia de diferencia significativa con un P-valor de <0.0001 en el factor genotipo identificando por medio de pruebas post hoc con el criterio de Duncan, Tukey y S.N.K que el genotipo SWP3 presentó la menor infección al tener el menor valor de absorbancia evaluada mediante la prueba DAS-ELISA frente a los cinco aislados provenientes de diferentes localidades de Guatemala.
2. Se evaluó que el comportamiento de cinco aislados del TSWV, mediante un ANOVA se encontró diferencia estadística significativa con un P-valor de <0.0001 mucho menor al nivel crítico 0.05, en las pruebas post hoc se identificó que el aislado SWP2 proveniente de Amatitlán, Guatemala fue el que causó los valores mayores de absorbancia en el tejido foliar de las plantas de los genotipos, indicando un mayor nivel de infección.
3. Se estimó un Rho de Spearman de 0.793 indicando la existente correlación entre la incidencia obtenida mediante el método de observación visual y el valor de absorbancia obtenida mediante el método serológico DAS-ELISA.
4. Se evaluó el comportamiento de diez genotipos de *C. annuum* inoculados mecánicamente con el virus del bronceado del tomate mediante un diseño factorial mixto con los factores aislado y Genotipo con 5 y 10 niveles respectivamente donde al encontrar diferencia significativa se seleccionaron los genotipos SWP3 y SWP5 como fuente de resistencia contra el virus.

RECOMENDACIONES

1. Incorporar el uso del genotipo SWP3 dentro del programa de mejoramiento genético de *C. annuum* como fuente de resistencia contra el TSWV para aumentar el germoplasma resistente e introgresar la resistencia en genotipos con características deseadas.
2. Utilizar el aislado 2 proveniente de Amatitlán en futuros bioensayos de TSWV para tener resultados más homogéneos tanto en la observación visual como en los niveles de absorbancia.
3. Evaluar la correlación entre las variables de incidencia y valor de absorbancia en los próximos bioensayos para identificar si se mantiene la correlación entre las variables para poder utilizar el método más económico.
4. Evaluar los genotipos SWP3 y SWP5 frente a otros aislados del virus del bronceado del tomate de otras localidades distintas a las evaluadas para identificar que no haya quiebra de resistencia en estos genotipos y poder usarlos como fuente de resistencia genética.

REFERENCIAS

1. Accotto, G., Nervo, G., Acciarri, N., Tavella, L., Vecchiati, M., Schiavi, M., y Vaira, A. (julio, 2005). Field evaluation of tomato hybrids engineered with tomato spotted wilt virus sequences for virus resistance, agronomic performance, and pollen-mediated Transgene Flow. *Phytopathology*, 95(7), 800-807.
2. Anderson, D., Sweeney, D., y Williams, T. (1999). *Estadística para administración y economía*. México: International Thomson Editores.
3. Aramburu, J., Galipienso, L., Soler, S., y López, C. (diciembre, 2007). La enfermedad del bronceado en tomate y pimiento: un problema permanente en una situación cambiante. *Phytoma España*, 194, 24-29.
4. Ben-Mahmoud, S., Anderson, T., Chappell, T., Smeda, J., Mutschler, M., Kennedy, G. y Ullman, D. (noviembre, 2009). A thrips vector of tomato spotted wilt virus responds to tomato acylsugar chemical diversity with reduced oviposition and virus inoculation. *Scientific Reports*, 9(1), 17157.
5. Castillo, C., Mejía, C., y Arévalo, J. (4 de julio, 2011). Diseño de experimentos completos al azar [Mensaje en un blog]. Recuperadode

<http://reyesestadistica.blogspot.com/2011/07/disenio-de-experimentos-al-completo-azar.html>.

6. Ceballos, I. (2001). *Importancia del cultivo de Chile Capsicum annum L. en México* (Tesis de licenciatura). Universidad Autónoma Agraria, México. Recuperado de <http://repositorio.uaaan.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/123456789/1194/IMPORTANCIA%20DEL%20CULTIVO%20DEL%20CHILE%20%28Capsicum%20annuum%20L.%29%20EN%20IGNACIO%20CEBALLOS%20RIOS.%20--%20UAAAN.%20BUENAVISTA%2C%20SALTILLO%20COAH.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.
7. Cebolla, J., Soler, S., Gomar, B., Soria, D., y Nuez, F. (marzo, 2003). Screening Capsicum germplasm for resistance to tomato spotted wilt virus (DAS-ELISA). *Annals of Applied Biology*, 143(2), 143-152.
8. Dafaallah, A. (2019). *Duncan's multiple range test (DMRT)*. University Of Gezira, Sudán.
9. Dagnino, J. (julio, 2014). Bioestadística y Epidemiología. *Revista Chilena de Anestesia*, 43(4), 311-312.
10. De Benitez, C., Pece, M., y Galindez, M. (2010). *Análisis de la varianza en experimentos factoriales*. Argentina: Universidad Nacional de Santiago del Estero.
11. Díaz, N., Bárcenas, A., Fernández, E., Galván, A., Jorrín, J., Peinado, J., y Túnez, I. (2016). *Espectrofometría: Espectros de absorción y*

cuantificación colorimétrica de biomoléculas. Córdoba, Argentina: Universidad de Rabanales.

12. Fallas, J. (2012). *Correlación lineal: midiendo la relación entre dos variables*. México: Autor.
13. Gabor, B., Krizbai, L., Horvath, J., y Takacs, A. (2012). *Resistance breaking strain of Tomato spotted wilt virus (DAS-ELISA) on resistant pepper cultivars in Hungary*. Belgrade, Serbia: Institute for Plant Protection and Environment.
14. Glen, S. (2020). *Newman-Keuls / Student–Newman–Keuls (SNK) From StatisticsHowTo.com: Elementary Statistics for the rest of us!* Estados Unidos: Autor.
15. Gutiérrez, H., y De La Vara, R. (2008). *Análisis y diseño de experimentos*. México: McGraw-Hill Interamericana.
16. Hein, T. (3 de noviembre, 2017). A Closer Look at Sweet Pepper Breeding and Its Challenges. [Mensaje en un blog]. Recuperado de <https://european-seed.com/2017/11/closer-look-sweet-pepper-breeding-challenges/>.
17. Hein, T. (3 de noviembre, 2017). A Closer Look at Sweet Pepper Breeding and Its Challenges. [Mensaje en un blog]. Recuperado de <https://european-seed.com/2017/11/closer-look-sweet-pepper-breeding-challenges/>.

18. Hobbs, H., Black, L., Johnson, R., y Valverde, R. (marzo, 1994). Differences in reactivons among Tomato spotted wilt virus isolates to three resistant Capsicum chinense lines. *Plant Disease*, (78), 1220.
19. International Business Machines Corporation. (5 de julio, 2021). ANOVA de un factor: Contrastes post hoc. [Mensaje en un blog]. Recuperado de <https://www.ibm.com/docs/es/spss-statistics/SaaS?topic=anova-one-way-post-hoc-tests>.
20. Karavina, C., y Gubba, A. (enero, 2017). An African Perspective on Tosspoviruses. *Journal of Plant Pathology*, 99(1), 5-15.
21. León, M. (2002). *Manual de Aplicación de los diseños experimentales básicos en el paquete NCSS* (Tesis de especialización). Universidad Veracruzana, México. Recuperado de <https://cdigital.uv.mx/bitstream/handle/123456789/47703/LeonSalarMercedes.pdf?sequence=1&isAllowed=y>.
22. Maiss, E., Ivanova, L., Breyel, E., y Adam, G. (febrero, 1991). Cloning and sequencing of the S RNA from a Bulgarian isolate of tomato spotted wild virus. *Journal of General Virology*, 72, 461-464.
23. Mandragon, A. (noviembre, 2014). Uso de la correlación de Spearman en un estudio de Intervención en Fisioterapia. *Movimiento Científico*, 8(1), 98-104.

24. Margaria, P., Ciuffo, M. y Turina, M. (diciembre, 2004). Resistance breaing strain of Tomato spotted wilt virus on resistant pepper cultivars in Almeria, Spain. *Plant Pathology*, 53, 795-795.
25. Mendoza, H., y Bautista, G. (2002). Unidad 2 : diseño completamente al azar. Colombia: Autor.
26. Montgomery, D. (2005). *Design and Analysis of Experiments*. Nueva York, Estados Unidos: John Wiley & Sons.
27. Nascimento, L., Pensuk, V., da Costa, N., de Assis, F., Pio, G., Deom, C., y Sherwood, J. (junio, 2006). Evaluation of peanut genotypes for resistance to Tomato spotted wilt virus by mechanical and thrips inoculation. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 41(6), 937-942.
28. Olatinwo, R., Paz, S., Brown, R., Kemerait, A., Culbreath, J., Breasley, J., y Hoogenboom, G. (octubre, 2008). A Predictive Model for Spotted Wilt Epidemics in Peanut Based on Local Weather Conditions and the Tomato spotted wilt virus Risk Index. *Ecology and Epidemiology*, 98(10), 1056-1152.
29. Olaya, C., Fletcher, S., Zhai, Y., Peters, J., Margaria, P. W., Mitter, N., y Pappu, H. (marzo2020). The Tomato spotted wilt virus (DAS-ELISA) Genome is Differentially Targeted in DAS-ELISA-Infected Tomato (*Solanum lycopersicum*) with or without Sw-5 Gene. *Viruses*, 12(4), 363.
30. Orobiyi, A., Dansi, A., Assogba, P., Loko, L., Dansi, M., Vodouhe, R., y Sanni, A. (febrero, 2013). Chili (*Capsicum annum* L.) in southern

Benin: production constraints, varietal diversity, preference criteria and participatory evaluation. *International Research Journal of Agricultural Science and Soil Science*, 3(4), 107-120. Recuperado de <http://www.interesjournals.org/IRJAS>.

31. Parrella, G., Gognalons, P., Gebre, K., Vovlas, C., y Marchoux, G. (mayo, 2003). An update of the host range of tomato spotted wilt virus. *Journal of Plant Pathology*, 85, 227-264.
32. Parrella, G., Gognalons, P., Gebre-Selassie, K., Vovlas, C., y Marchoux, G. (junio, 2003). An update of the host range of tomato spotted wilt virus. *Journal of Plant Pathology*, 85, 227-264. Recuperado de <https://hal.inrae.fr/hal-02682821>.
33. Pérez, L., Castañón, G., Ramírez, M., y Mayek, N. (julio, 2015). Avances y perspectivas sobre el estudio del origen y la diversidad genética de *Capsicum* spp. *Scielo*, 2(4), 117-128.
34. Pozo, O., Montes, S., y Redondo, E. (1991). *Avances en el Estudio de los Recursos Fitogenéticos en México*. México: Autor.
35. Pulido, H., y Salazar, R. (2008). *Análisis y diseño de experimentos*. México: McGraw Hill.
36. Recio-Avilés, R., y Aliaga-Reynaldo, J. R. (octubre, 2016). Uso del diseño completamente aleatorio para determinar la edad de comienzo de los mejores resultados en los lanzadores del martillo. *Revista de la Facultad de Cultura Física de la Universidad de Granma*, 13(41), 139-152.

37. Resende, L., Maluf, W., Figueira, A., y Resende, J. (marzo, 2000). Correlations between symptoms and DAS-Elisa values in two sources of resistance against tomato spotted wilt virus. *Brazilian Journal of Microbiology*, 31(2), 135-139.
38. Reyes, M. (2009). *Aplicación del diseño experimental en el desarrollo de las prácticas internas, en el área de operaciones unitarias* (Tesis de licenciatura). Universidad de San Carlos de Guatemala, Guatemala
Recuperado de http://biblioteca.usac.edu.gt/tesis/08/08_1138_Q.pdf.
39. Roggero, P., Masenga, V., y Tavella, L. (febrero, 2002). Field isolates of Tomato spotted wilt virus overcoming resistance in pepper and their spread to other hosts in Italy. *Plant Disease*, 86(9), 950-954.
40. Sánchez, S. (2009). *Medición del ruido en la línea de transmisión eléctrica generado por electrodomésticos, para aplicaciones de PLC* (Tesis de licenciatura). Universidad de las Américas Puebla, México.
Recuperado de http://catarina.udlap.mx/u_dl_a/tales/documentos/lem/salvador_s_g/.
41. Santana, N., Canto, A., Balam, E., Aviles, S., Zetina, G., Montalvo, M., y Guzman, A. (2018). *Mejoramiento genético de chile habanero: selección y registro de variedades mejoradas*. México: Centro de Investigación Científica de Yucatán.

42. Sharman, M., y Persley, D. (marzo, 2006). Field isolates of Tomato spotted wilt virus overcoming resistance in capsicum in Australia. *Australasian Plant Pathology*, 35, 123-128.
43. Srinivasa, R., Abney, M., Lai, P., Culbreath, A., Tallury, S., y Leal-Bertioli, S. (noviembre, 2018). Resistance to Thrips in Peanut and Implications for Management of Thrips and Thrips-Transmitted Orthotospoviruses in Peanut. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1-14.
44. Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales. (2013). *Ad 58: Resistencia al virus del bronceado del tomate (DAS-ELISA)*. Ginebra: Autor.
45. Wahyuni, Y. (2014). *Breeding for pepper fruit quality: A genetical metabolomics approach (PhD thesis)*. Wageningen, Países Bajos: Wageningen University.
46. Wahyuni, Y., Ballester, A. R., Sudarmonowati, E., Bino, R. J., y Bovy, A. G. (marzo, 2013). Secondary metabolites of Capsicum species and their importance in the human diet. *Journal of natural products*, 75(4), 783-793.
47. Yang, H., Ozias-Akins, P., Culbreath, A., Gorbet, D., Mandal, B., & Pappu, H. (febrero, 2004). Field Evaluation of Tomato spotted wilt virus Resistance in Transgenic Peanut (*Arachis hypogaea*). *Plant Disease*, 88(3), 227-312.
48. Zeron, A. (septiembre, 2010). Biotipos genotipos y genotipos ¿De qué tipos somos? *Asociación Mexicana de Periodontología*, 1(1), 36-43.

APÉNDICES

Apéndice 1. Resultados prueba de Duncan para la interacción

Genotipo	Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	5	0.0697	3	0.0027	a
SWP5	4	0.0703	3	0.0027	a
SWP8	1	0.0703	3	0.0027	a
SWP6	3	0.071	3	0.0027	a
SWP3	4	0.0717	3	0.0027	a
SWP4	1	0.072	3	0.0027	ab
SWP3	1	0.072	3	0.0027	ab
SWP4	2	0.073	3	0.0027	ab
SWP3	2	0.0737	3	0.0027	ab
SWP5	5	0.074	3	0.0027	ab
SWP10	3	0.0743	3	0.0027	ab
SWP7	4	0.0747	3	0.0027	abc
SWP5	1	0.0747	3	0.0027	abc
SWP3	3	0.0753	3	0.0027	abc
SWP5	2	0.0757	3	0.0027	abc
SWP6	1	0.076	3	0.0027	abcd
SWP4	5	0.0773	3	0.0027	abcde
SWP7	2	0.0783	3	0.0027	abcdef
SWP7	1	0.081	3	0.0027	bcdef
SWP10	5	0.0833	3	0.0027	cdef
SWP7	5	0.0843	3	0.0027	defg
SWP8	5	0.0847	3	0.0027	efg
SWP8	2	0.086	3	0.0027	fg
SWP6	4	0.092	3	0.0027	gh
SWP4	4	0.0977	3	0.0027	h
SWP8	4	0.1083	3	0.0027	i

Continuación apéndice 1.

SWP6	5	0.1123	3	0.0027	i
SWP4	3	0.114	3	0.0027	i
SWP8	3	0.1317	3	0.0027	j
SWP7	3	0.132	3	0.0027	j
SWP5	3	0.133	3	0.0027	j
SWP1	3	0.1337	3	0.0027	j
SWP6	2	0.2443	3	0.0027	k
SWP9	3	0.7153	3	0.0027	l
SWP1	4	0.8803	3	0.0027	m
SWP10	4	0.9143	3	0.0027	n
SWP10	1	0.9453	3	0.0027	o
SWP2	3	0.9453	3	0.0027	o
SWP1	5	1.0247	3	0.0027	p
SWP2	4	1.111	3	0.0027	q
SWP9	4	1.278	3	0.0027	r
SWP10	2	1.3897	3	0.0027	s
SWP1	2	1.4413	3	0.0027	t
SWP2	5	1.451	3	0.0027	u
SWP1	1	1.4697	3	0.0027	w
SWP9	2	1.5283	3	0.0027	x
SWP9	5	1.5543	3	0.0027	y
SWP9	1	1.6513	3	0.0027	z
SWP2	1	1.6827	3	0.0027	aa
SWP2	2	2.0777	3	0.0027	bb

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Excel.

Apéndice 2. Resultados prueba de Tukey para la interacción

Genotipo	Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	5	0.0697	3	0.0027	a
SWP5	4	0.0703	3	0.0027	a
SWP8	1	0.0703	3	0.0027	a
SWP6	3	0.071	3	0.0027	ab
SWP3	4	0.0717	3	0.0027	ab
SWP4	1	0.072	3	0.0027	ab
SWP3	1	0.072	3	0.0027	ab
SWP4	2	0.073	3	0.0027	ab
SWP3	2	0.0737	3	0.0027	ab
SWP5	5	0.074	3	0.0027	ab
SWP10	3	0.0743	3	0.0027	ab
SWP7	4	0.0747	3	0.0027	ab
SWP5	1	0.0747	3	0.0027	ab
SWP3	3	0.0753	3	0.0027	ab
SWP5	2	0.0757	3	0.0027	ab
SWP6	1	0.076	3	0.0027	ab
SWP4	5	0.0773	3	0.0027	abc
SWP7	2	0.0783	3	0.0027	abc
SWP7	1	0.081	3	0.0027	abc
SWP10	5	0.0833	3	0.0027	abcd
SWP7	5	0.0843	3	0.0027	abcd
SWP8	5	0.0847	3	0.0027	abcd
SWP8	2	0.086	3	0.0027	bcd
SWP6	4	0.092	3	0.0027	cd
SWP4	4	0.0977	3	0.0027	de
SWP8	4	0.1083	3	0.0027	ef
SWP6	5	0.1123	3	0.0027	ef
SWP4	3	0.114	3	0.0027	f
SWP8	3	0.1317	3	0.0027	g
SWP7	3	0.132	3	0.0027	g

Continuación apéndice 2.

SWP5	3	0.133	3	0.0027	g
SWP1	3	0.1337	3	0.0027	g
SWP6	2	0.2443	3	0.0027	h
SWP9	3	0.7153	3	0.0027	i
SWP1	4	0.8803	3	0.0027	j
SWP10	4	0.9143	3	0.0027	k
SWP10	1	0.9453	3	0.0027	l
SWP2	3	0.9453	3	0.0027	l
SWP1	5	1.0247	3	0.0027	m
SWP2	4	1.111	3	0.0027	n
SWP9	4	1.278	3	0.0027	o
SWP10	2	1.3897	3	0.0027	p
SWP1	2	1.4413	3	0.0027	q
SWP2	5	1.451	3	0.0027	q
SWP1	1	1.4697	3	0.0027	r
SWP9	2	1.5283	3	0.0027	s
SWP9	5	1.5543	3	0.0027	t
SWP9	1	1.6513	3	0.0027	u
SWP2	1	1.6827	3	0.0027	w
SWP2	2	2.0777	3	0.0027	x

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Excel.

Apéndice 3. Resultados prueba S.N.K. para la interacción

Genotipo	Aislado	Medias	n	E.E.	Grupo
SWP3	5	0.0697	3	0.0027	a
SWP5	4	0.0703	3	0.0027	a
SWP8	1	0.0703	3	0.0027	a
SWP6	3	0.071	3	0.0027	ab
SWP3	4	0.0717	3	0.0027	abc
SWP4	1	0.072	3	0.0027	abc
SWP3	1	0.072	3	0.0027	abc
SWP4	2	0.073	3	0.0027	abcd
SWP3	2	0.0737	3	0.0027	abcd
SWP5	5	0.074	3	0.0027	abcd
SWP10	3	0.0743	3	0.0027	abcd
SWP7	4	0.0747	3	0.0027	abcd
SWP5	1	0.0747	3	0.0027	abcd
SWP3	3	0.0753	3	0.0027	abcd
SWP5	2	0.0757	3	0.0027	abcd
SWP6	1	0.076	3	0.0027	abcd
SWP4	5	0.0773	3	0.0027	abcd
SWP7	2	0.0783	3	0.0027	abcd
SWP7	1	0.081	3	0.0027	abcd
SWP10	5	0.0833	3	0.0027	abcde
SWP7	5	0.0843	3	0.0027	bcde
SWP8	5	0.0847	3	0.0027	cde
SWP8	2	0.086	3	0.0027	de
SWP6	4	0.092	3	0.0027	ef
SWP4	4	0.0977	3	0.0027	f
SWP8	4	0.1083	3	0.0027	g
SWP6	5	0.1123	3	0.0027	g
SWP4	3	0.114	3	0.0027	g
SWP8	3	0.1317	3	0.0027	h
SWP7	3	0.132	3	0.0027	h
SWP5	3	0.133	3	0.0027	h

Continuación apéndice 3.

SWP1	3	0.1337	3	0.0027	h
SWP6	2	0.2443	3	0.0027	i
SWP9	3	0.7153	3	0.0027	j
SWP1	4	0.8803	3	0.0027	k
SWP10	4	0.9143	3	0.0027	l
SWP10	1	0.9453	3	0.0027	m
SWP2	3	0.9453	3	0.0027	m
SWP1	5	1.0247	3	0.0027	n
SWP2	4	1.111	3	0.0027	o
SWP9	4	1.278	3	0.0027	p
SWP10	2	1.3897	3	0.0027	q
SWP1	2	1.4413	3	0.0027	r
SWP2	5	1.451	3	0.0027	s
SWP1	1	1.4697	3	0.0027	t
SWP9	2	1.5283	3	0.0027	u
SWP9	5	1.5543	3	0.0027	w
SWP9	1	1.6513	3	0.0027	x
SWP2	1	1.6827	3	0.0027	y
SWP2	2	2.0777	3	0.0027	z

Fuente: elaboración propia, empleando Microsoft Excel.

Apéndice 4. **Escala diagramática para evaluación de síntomas del DAS-ELISA a. 0: plantas resistentes, b. 1: plantas susceptibles**



Fuente: [Fotografía de Sandy Castañeda]. (Finca Santa Teresa, Antigua Guatemala, Sacatepéquez, 2021). Colección particular. Guatemala.