

ADAPTABILIDAD Y ESTABILIDAD DE MUTANTES DE TOMATE EN LOS SANTOS, PANAMÁ

Jorge Enrique Jaén-Villarreal^{1/*}, María Caridad González-Cepero², Ismael Camargo-Buitrago³, Román Gordón-Mendoza⁴, Ana Elida Sáez-Cigarruista⁵, Francisco Alberto Centella-Pereira⁶

Palabras clave: interacción genotipo x ambiente; rendimiento; mutagénesis; Biplot GEE-SReg; *Solanum lycopersicum* L.

Keywords: genotype x environment interaction; yield; mutagenesis; Biplot GEE-SReg; *Solanum lycopersicum* L.

Recibido: 05/09/23

Aceptado: 01/11/23

RESUMEN

Introducción. En los programas de fitomejoramiento de tomate, la obtención de nuevos genotipos requiere evaluar los materiales genéticos en diferentes ambientes. **Objetivo.** Identificar los genotipos de tomate con mejor adaptabilidad y estabilidad en la provincia de Los Santos, Panamá. **Materiales y métodos.** Esta investigación se desarrolló en 5 ambientes de la provincia de Los Santos, Panamá, en el ciclo agrícola 2022-2023. Se sembraron 15 genotipos bajo un diseño de bloques completos al azar con 3 repeticiones. Los datos obtenidos fueron analizados mediante un análisis de varianza a nivel de cada ambiente y combinado con la metodología de máxima verosimilitud residual (REML). La interacción genotipo por ambiente

se estimó a través el análisis Biplot GGE-SReg. **Resultados y discusión.** Los análisis revelaron una interacción significativa entre los genotipos y los ambientes estudiados, los 2 primeros ejes de los componentes principales de la interacción explicaron el 70,96% de la variación total. El Biplot GGE a través del polígono (cuál, ganó, dónde) permitió identificar 3 grupos ambientales potenciales. Se determinó el grupo de los mutantes T7.RB-50-EN44-13, R1.15-17-18-LV14-2 y R3.10-79-81-LV7-1 como los más sobresalientes por su estabilidad y rendimiento. El estudio sobre la capacidad de discriminación y representatividad de los ambientes identificaron al El Ejido y Villa Lourdes como los entornos más discriminantes mientras que Tres Quebradas fue el más representativo y el más cercano al ambiente ideal objetivo. **Conclusión.** El análisis Biplot GGE-SReg permitió hacer un análisis eficiente de

* Autor para correspondencia. Correo electrónico: jorgejaen02@gmail.com

1 Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá, Panamá.

 0000-0002-2816-0562.

2 Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas, Cuba.

 0000-0002-1154-1756.

3 Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá, Panamá.

 0000-0003-4199-0621.

4 Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá, Panamá.

 0000-0002-8433-2357.

5 Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá, Panamá.

 0000-0002-4901-7263.

6 Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá, Panamá.

 0009-0003-1290-1922.

la interacción genotipo por ambiente, lo que lo convierte en una herramienta muy eficiente para identificar genotipos superiores con una buena adaptabilidad y estabilidad a la región de interés.

ABSTRACT

Adaptability and stability of tomato mutants in Los Santos, Panama. Introduction. In tomato breeding programs, obtaining new genotypes requires the evaluation of genetic materials in different environments. **Objective.** To identify tomato genotypes with better adaptability and stability in the province of Los Santos, Panama. **Materials and methods.** This research was carried out in 5 environments in the province of Los Santos, Panama, during 2022-2023 agricultural cycle. Fifteen genotypes were planted under a randomized complete block design with 3 replications. The data obtained were analyzed by analysis of variance at the level of each environment and combined using the residual maximum likelihood methodology

(REML). The genotype-by-environment interaction was estimated by GGE-SReg Biplot analysis. **Results and discussion.** The analysis revealed a significant interaction between the genotypes and the environments studied, the first 2 axes of the principal components of the interaction explained 70.96% of the total variation. The GGE Biplot through Polygon (which, won, where) allowed the identification of 3 potential environmental groups. The group of mutants T7.RB-50-EN44-13, R1.15-17-18-LV14-2 and R3.10-79-81-LV7-1 were determined as the most outstanding for their stability and performance. The study on the discrimination capacity and representativeness of the environments identified El Ejido and Villa Lourdes as the most discriminating environments while Tres Quebradas was the most representative and the closest to the ideal target environment. **Conclusion.** The GGE-SReg Biplot analysis allowed an efficient analysis of the genotype-by-environment interaction, which makes it a very efficient tool to identify superior genotypes with good adaptability and stability to the region of interest.

INTRODUCCIÓN

El tomate es una de las principales hortalizas en el mundo con una superficie sembrada de 5,167,388 ha y una producción en toneladas de 189,133,955 (FAO 2021). En Panamá es la principal hortaliza de consumo fresco; en el cierre agrícola 2021-2022, la producción de tomate de mesa fue de 19 933 toneladas y la de tomate industrial de 7 029 toneladas. Este mismo informe identificó a la provincia de Los Santos como la principal zona productora de tomate industrial en el país, con 84% de la producción total (MIDA 2022).

Las plantas de tomate son organismos que tienen que hacer frente a las variaciones ambientales para asegurar la reproducción y persistencia de la especie en la naturaleza (Diouf *et al.* 2020). El crecimiento y desarrollo de este cultivo está influenciado por la composición genética de la

planta, el ambiente y la interacción entre ambos factores. Para producir genotipos adecuados para múltiples ambientes, la interacción genotipo x ambiente (IG X A) debe tenerse en cuenta y evaluarse en los programas de fitomejoramiento (El-Soda *et al.* 2014).

En los programas de mejoramiento genético del cultivo de tomate, es de interés la selección de genotipos de elevada productividad y con buena adaptabilidad ambiental. La presencia de la interacción provoca un aumento en el desvío del parentesco fenotípico, reducción de la heredabilidad a lo largo de los ambientes y, consecuentemente disminución de las ganancias genéticas potenciales (Mudada *et al.* 2017).

Diversas herramientas estadísticas han demostrado ser efectivas para interpretar la IG X A tales como el efecto principal aditivo y la interacción multiplicativa (AMMI) (Gauch *et al.*

2008), los modelos de efectos fijos lineal-bilineal SREG (Crossa y Cornelius 1997) y el análisis Biplot de genotipo e interacción genotipo-por-ambiente (GGE) (Yan y Kang 2002). El objetivo de este estudio fue identificar los genotipos de tomate con mejor adaptabilidad y estabilidad en la provincia de Los Santos, Panamá.

MATERIALES Y MÉTODOS

Esta investigación se desarrolló en el ciclo agrícola 2022-2023, en 5 ambientes de la región productora de tomates de la provincia de Los Santos, Panamá (Tabla 1). En esta investigación

se utilizaron un total de 15 genotipos provenientes del proyecto de mejoramiento genético del Instituto de Innovación Agropecuaria de Panamá (IDIAP), generados por mutagénesis con radiación gamma y por hibridación convencional. Los mutantes provenientes del cultivar IDIAP T-8 son tolerantes al Begomovirus, mientras que los progenitores IDIAP T-7 y DINA RPs presentan tolerancia las altas temperaturas. Los 3 progenitores se utilizaron como testigos, con la variedad IDIAP T-8 como testigo principal, debido a que es el cultivar más utilizado por los productores de tomate industrial en Panamá.

Tabla 1. Cultivares y ambientes evaluados.

Código	Cultivar	Origen	Progenitor	Ambiente	Latitud	Longitud
G1	R3.10-79-81-LV7-1	Mutagénesis	IDIAP-T8	La Villa	7° 56' 29.755" N	80° 25' 12.145" W
G2	R1.15-17-18-LV14-2	Mutagénesis	IDIAP-T8	El Ejido	7° 54' 34.982" N	80° 22' 8.511" W
G3	ICLN-1	Hibridación		Albina Grande	7° 52' 43.908" N	80° 18' 13.278" W
G4	ICLN-7	Hibridación		Tres Quebradas	7° 50' 52.468" N	80° 23' 50.239" W
G5	IDIAP T-7	Progenitor	Testigo 1	Villa Lourdes	7° 49' 26.777" N	80° 28' 16.359" W
G6	IDIAP T-8	Progenitor	Testigo 2			
G7	DINA RPs	Progenitor	Testigo 3			
G8	DINA.RB-12-EN18-1	Mutagénesis	DINA RPs			
G9	DINA.RB-17-EN21-2	Mutagénesis	DINA RPs			
G10	DINA.RB-44-EN30-3	Mutagénesis	DINA RPs			
G11	DINA.RB-12-EN19-4	Mutagénesis	DINA RPs			
G12	T7.RB-58-EN7-5	Mutagénesis	IDIAP-T7			
G13	T7.RB-58-EN7-6	Mutagénesis	IDIAP-T7			
G14	T7.RA-15-EN9-7	Mutagénesis	IDIAP-T7			
G15	T7.RB-50-EN44-13	Mutagénesis	IDIAP-T7			

Los experimentos fueron sembrados en campo con riego por goteo, bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con 3 repeticiones. La unidad experimental consistió en una hilera de 3,20 m de largo, la separación entre

plantas fue de 0,20 m y 1,50 m entre hileras. El manejo agronómico de las parcelas experimentales se realizó según el manual técnico del IDIAP (Guerra Murillo *et al.* 2016).

Medición de variables y análisis de datos

Se evaluaron los días a la floración, porcentaje de fructificación y de cobertura de follaje. Al momento de la cosecha se evaluó el número de frutos por planta, frutos por metro cuadrado, diámetro ecuatorial, diámetro polar, peso de frutos, el contenido de sólidos solubles, nivel de acidez y firmeza. Se estimó el rendimiento en toneladas por hectárea y se comparó entre los mutantes y sus respectivos progenitores.

Se realizó un análisis a nivel de cada ambiente con el empleo de la metodología de máxima verosimilitud residual (REML) para determinar las varianzas asociadas a cada fuente de variación mediante el siguiente modelo:

$$Y_{ijk} = \mu + Rep_i + Gen_k + \varepsilon_{ijk} \quad (e1)$$

Donde

Y_{ijk}	=	tratamiento de interés
μ	=	media general
Rep_i	=	efecto de la i-ésima repetición
Gen_k	=	efecto k-ésimo genotipo
ε_{ijk}	=	error residual

En este modelo los genotipos se consideran como efectos fijos y las repeticiones como efectos aleatorios. Luego se realizó un análisis de varianza combinado para probar la presencia y significación de la IG X A, de acuerdo con el siguiente modelo estadístico:

$$Y_{ijkl} = \mu + Amb_i + Rep_j(Amb_i) + Gen_l + Amb_i \times Gen_l + \varepsilon_{ijkl} \quad (e2)$$

Donde

Y_{ijkl}	=	tratamiento de interés
μ	=	media general
Amb_i	=	efecto para el i-ésimo ambiente
Rep_j	=	efecto de la j-ésima repetición
Gen_l	=	efecto del l-ésimo genotipo
$Amb_i \times Gen_l$	=	interacción genotipo por ambiente
E_{ijkl}	=	error residual

En este modelo se consideró como efectos aleatorios a la localidad, la interacción genotipo por localidad y las repeticiones; los genotipos se consideraron como efectos fijos. Se estableció un umbral de repetitividad mínimo de 0,05 por lo tanto, los entornos cuyos rasgos tengan una repetitividad inferior a esta serán excluidos del análisis. Tanto para el análisis individual como del combinado se utilizó el Programa META-R v6.0 (Alvarado *et al.* 2020).

Se emplearon los datos medios de los genotipos en todos los entornos para realizar el análisis Biplot GGE-SReg. Se consideró el siguiente modelo:

$$\bar{Y}_{ij} - \mu = G_i + E_j + GE_{ij} \quad (e3)$$

Donde

\bar{Y}_{ij}	=	media fenotípica del genotipo i en el entorno j
μ	=	media general
G_i	=	efecto aleatorio del genotipo i
E_j	=	efecto aleatorio del entorno j
GE_{ij}	=	efecto aleatorio de la interacción entre el genotipo i y el entorno j (Yan 2014).

Para realizar el análisis Biplot GGE-SReg y gráficos se utilizó el programa GEA-R (Pacheco *et al.* 2016).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se realizaron los análisis individuales por localidad y se observó que los valores de repetitividad (H) para la variable rendimiento fueron superiores a 0,05 (Alvarado *et al.* 2020), debido a este resultado todas las localidades se incluyeron en el análisis de varianza combinado (Tabla 2). El análisis combinado mostró diferencias significativas entre los ambientes, los

genotipos y la interacción entre ambos factores en términos de rendimiento y de la mayoría de las características evaluadas. No se observaron diferencias en el diámetro ecuatorial y diámetro polar entre los ambientes, ni el porcentaje de fructificación entre los genotipos. No hubo IG x A en el porcentaje de fructificación, la floración, el brix, y el nivel de acidez. La variable cobertura no presentó diferencia estadística ($p < 0,05$).

Tabla 2. Medias ajustadas y análisis de varianza combinado de diferentes características agronómicas de 15 genotipos de tomates evaluados en 5 localidades de la provincia de Los Santos, Panamá.

Genotipos	Re (t.ha ⁻¹)	Fm ²	Fp	Pf (%)	De (mm)	Dp (mm)	Fl (días)	Brix	Fi (N)	pH	Cb	Rc %
R3.10-79-81LV7-1	69,01	62	21	50,99	60,83	73,83	42	5,22	36,11	4,42	62,11	0,9
R1.15-17-18-LV14-2	65,05	72	25	56,73	53,79	65,01	43	5,39	33,27	4,53	53,39	-4,9
ICLN-1	69,69	91	30	49,63	60,79	53,05	38	5,06	36,57	4,39	58,99	1,9
ICLN-7	60,72	64	22	56,10	64,25	50,25	38	5,52	35,35	4,34	58,52	-11,2
IDIAP T-7 (Control 1)	61,79	62	20	51,41	55,05	67,19	43	5,65	32,16	4,51	51,76	-9,7
IDIAP T-8 (Control 2)	68,40	61	20	53,70	62,31	65,66	43	5,39	42,50	4,41	59,47	
DINA RPs (Control 3)	55,24	67	23	55,93	58,90	54,66	42	5,33	37,24	4,52	58,56	-19,2
DINA.RB-12-EN18-1	62,77	58	19	50,85	60,71	64,39	41	5,29	35,91	4,45	54,41	13,6
DINA.RB-172-EN21-2	60,16	59	20	45,72	66,86	56,00	41	5,32	34,21	4,51	60,66	8,9
DINA.RA-44-EN30-3	55,28	65	21	53,53	56,97	51,14	42	5,66	38,08	4,49	56,40	0,1
DINA.RB-12-EN19-4	52,27	76	26	53,54	56,73	49,39	41	5,27	40,87	4,51	56,29	-5,4
T7.RB-58-EN7-5	61,93	63	21	50,23	56,46	70,54	43	5,51	31,62	4,50	53,34	0,2
T7.RB-58-EN7-6	62,56	64	22	51,04	54,31	73,08	44	5,47	34,97	4,46	55,51	1,2
T7.RA-15-EN9-7	64,81	67	23	53,73	55,03	67,83	43	5,45	33,76	4,46	51,69	4,9
T7.RB-50-EN44-13	66,43	68	22	51,38	57,02	67,25	42	5,36	37,02	4,45	55,80	7,5
PROMEDIO	62,41	67	22	52,30	58,67	61,95	42	5,39	35,98	4,46	56,46	
DMS_{5%}	9,94	15	5	7,29	4,91	8,48	1	0,32	4,98	0,09	5,61	
Ambiente	383,10**	424,22**	27,78**	44,21*	0,038	1,67	1,05**	0,12**	29,35**	0,01**	30,63**	
Genotipo	13,99*	36,68*	4,69*	23,84	11,76**	64,77**	2,52**	0,04**	6,60*	0,002**	11,91	
Genotipo x ambiente	27,72**	106,31**	9,40**	3,18	7,96**	34,83**	0,3	0	6,61*	0	2,08	
Error	108,82	141	23,36	98,9	22,96	35,13	2,07	0,17	32,5	0,02	73,63	
Repetitividad (H)	0,52	0,54	0,58	0,57	0,79	0,87	0,91	0,68	0,6	0,65	0,47	
CV (%)	16,7	17,8	21,6	17,8	8,2	9,6	3,6	7,8	15,8	2,8	13,3	
N° Ambientes	5	5	5	2	5	5	4	3	4	5	2	

**, *diferencias estadísticas al 0,01 y 0,05 de probabilidad, respectivamente. Re = rendimiento, Fm² = frutos por metro cuadrado, Fp = frutos por planta, Pf = porcentaje de fructificación, De = diámetro ecuatorial, Dp = diámetro polar, Fl = días a floración, Brix = contenido de sólidos solubles, Fi = firmeza, pH = nivel de acidez, Cb = porcentaje de cobertura, Rc = porcentaje de rendimiento en proporción al respectivo control.

Estos resultados demuestran que los genotipos presentaron un comportamiento diferente en los ambientes estudiados. Se observó que los mutantes provenientes de IDIAP T-7 lo superaron en rendimiento en todos los ambientes, destacándose el T7.RB-50-EN44-13 con un rendimiento superior. En el grupo de mutantes procedentes de la variedad DINA RPs el mejor fue el DINA.RB-12-EN18-1 con un rendimiento 13,6% por encima de su testigo. El mutante R3.10-79-81-LV7-1 fue el que mejor se comportó de los genotipos descendientes de la variedad IDIAP T-8, su rendimiento fue muy similar a su progenitor.

Se presentó un efecto significativo en la IG x A para el rendimiento y otras características, lo que provocó la necesidad de realizar una evaluación adicional. Según Yan y Kang (2002), cuando se detecta una diferencia estadísticamente significativa para la IG x A, se infirió la existencia de diferentes grupos ambientales. En ese sentido, la clasificación de cada cultivar puede cambiar debido a las características ambientales de cada sitio (Albuquerque de Oliveira *et al.*

2018) y se pueden seleccionar genotipos para ambientes específicos.

Las características que no presentaron una IG x A significativa la comparación de medias fue suficiente para detectar diferencias entre los genotipos en los distintos entornos. Sin embargo, para las variables que presentaron una IG x A significativa se realizó un análisis Biplot GGE-SReg para obtener más información para la selección de los genotipos más sobresalientes, pero, dado que el rendimiento fue el principal enfoque de esta investigación, solo se utilizaron los datos de rendimiento para estos análisis.

Análisis del desempeño de los genotipos en los diferentes ambientes

El análisis de varianza Tipo IV realizado al rendimiento combinado de 5 ambientes, así como el valor de los 2 ejes principales derivados de la interacción genotipo-ambiente, obtenidos a través del modelo Biplot GGE-SReg se presenta en la Tabla 3. El resultado de este análisis indicó que los 2 primeros ejes (PCA) explicaron el 70,96% de la variación total.

Tabla 3. Análisis de varianza Tipo IV y componentes principales para la variable rendimiento de 15 genotipos de tomates evaluados en 5 localidades de la provincia de Los Santos, Panamá.

F. V.	GL	SC	CM
Ambiente	4	71683,47	17920,87*
Genotipo	14	5626,68	401,91*
Ambiente x Genotipo	56	10752,02	192,00*
PC-1	17	7785,23	457,96*
PC-2	15	3837,37	255,83*
Residuo	183	30726,53	545,2
Genotipo	Re	PC-1	PC-2
R3.10-79-81-LV7-1	69,01	0,221	0,297
R1.15-17-18-LV14-2	65,05	0,430	-0,190
ICLN-1	69,69	0,798	-0,655
ICLN-7	60,71	-0,273	-0,199
IDIAP T-7	61,79	-0,136	0,493
IDIAP T-8 (Control)	68,40	0,589	-0,193
DINA RPs	55,24	-0,630	-0,074
DINA-RB-12-EN18-1	62,77	-0,014	-0,034
DINA-RB-17-EN21-2	60,16	-0,294	-0,672
DINA-RA-44-EN30-3	55,28	-0,951	-0,061
DINA-RB-12-EN19-4	52,27	-0,847	0,023
T7.RB-58-EN7-5	61,93	0,140	0,539
T7.RB-58-EN7-6	62,56	0,045	0,293
T7.RA-15-EN9-7	64,81	0,410	1,000
T7.RB-50-EN44-13	66,43	0,511	0,029
Ambiente			
Villa Lourdes	73,69	0,714	0,881
Albina Grande	50,40	0,790	0,173
El Ejido	64,10	0,860	-1,000
Tres Quebradas	87,59	0,974	-0,039
La Villa	36,25	-0,278	-0,477
Promedio	62,41	0,612	-0,092

*diferencias estadísticas al 0,05 de probabilidad, F.V. = Fuentes de variación, GL = grados de libertad, SC = suma de cuadrados, CM = Cuadrados medios, Re = rendimiento en t.ha⁻¹, PCA-1 y PCA-2 = puntuaciones de los 2 ejes correspondientes a los componentes principales (PCA) para el rendimiento por genotipo y ambientes.

Se realizó un gráfico Biplot (Figura 1) con las puntuaciones de los 2 ejes principales correspondientes a los PCA del análisis Biplot GGE-SReg, el cual, permitió visualizar explícitamente el desempeño de los genotipos evaluados dentro del entorno (cuál-ganó-dónde). De acuerdo con este análisis se formaron 3 grupos ambientales potenciales, resultados similares obtuvieron otros autores en tomate (Djidonou *et al.* 2020) y otros cultivos (Adham *et al.* 2022, Lima *et al.* 2023). El primero fue el ambiente de Villa Lourdes en el cual el genotipo más sobresaliente fue el G14 (T7.RA-15-EN9-7); el segundo estuvo conformado por las localidades de Albina Grande, Tres Quebradas y El Ejido en el cual el cultivar con mejor comportamiento fue el G3 (ICLN-1) y el tercer grupo ambiental y menos productivo debido a la gran cantidad de patógenos de suelo, se identificó para La Villa en el cual el genotipo 9 (DINA.RB-17-EN21-2) presentó un mejor desempeño.

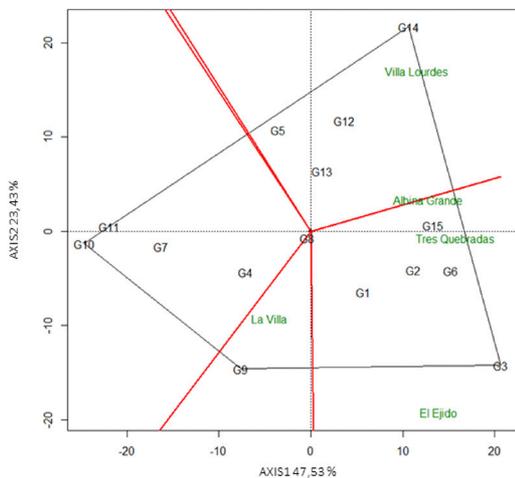


Figura 1. Polígono (cuál, ganó, dónde) de los efectos principales genotípicos y la interacción genotipo \times ambiente (Biplot GGE-SREG) de 15 genotipos de tomates para el rendimiento en 5 ambientes de la provincia de Los Santos, Panamá.

Los genotipos G14 (T7.RA-15-EN9-7), G3 (ICLN-1), G9 (DINA.RB-17-EN21-2) y G10 (DINA.RA-44-EN30-3) representan los vértices del polígono, debido a que se encuentran más alejados del centro de origen son más sensibles a los estímulos de los ambientes, por lo que se pueden clasificar como aquellos que presentan mejor comportamiento para uno o más ambientes (Yihunie y Gesesse 2018). En cambio, los genotipos ubicados dentro del polígono son los que presentan el rendimiento promedio más bajo para las características estudiadas (Lima *et al.* 2023).

Comportamiento del rendimiento y la estabilidad de los genotipos

En el gráfico de la media frente a la estabilidad (Figura 2A) se clasifican los genotipos evaluados en función al rendimiento promedio y la estabilidad. Para este análisis se calcula las coordenadas del ambiente ideal, el cual consiste en el promedio de las puntuaciones de todas las localidades de los 2 primeros Ejes Principales PCA-1 (0,612) y PCA-2 (-0,092).

En este gráfico la línea horizontal representa la abscisa, con la flecha que señala al ambiente ideal de mayor rendimiento del genotipo en todos los entornos. La línea perpendicular a la abscisa representa la ordenada e indica el nivel de estabilidad de cada genotipo evaluado. El genotipo más estable generalmente se ubica en la proyección más corta de la línea de la ordenada en relación con la abscisa (Tonk *et al.* 2011).

En este estudio el genotipo que presentó un mayor rendimiento fue el G3 (ICLN-1) seguido de los cultivares G6 (testigo 2), G15 (T7.RB-50-EN44-13), G2 (R1.15-17-18-LV14-2), G1 (R3.10-79-81-LV7-1) y G14 (T7.RA-15-EN9-7), mientras que los que presentaron un rendimiento más bajo fueron el G10 (DINA.RA-44-EN30-3), G11 (DINA.RB-12-EN19-4) y G7 (DINA RPs). En cuanto a la estabilidad los resultados presentan a los genotipos G8 (DINA.RB-12-EN18-1), G6 (testigo 2) y G2 (R1.15-17-18-LV14-2) como los más estables. Los genotipos G14 (T7.RA-15-EN9-7), G9 (DINA.RB-17-EN21-2), G3 (ICLN-1) y G12 (T7.RB-58-EN7-5) se considera

que son los que más aportaron a la interacción genotipo ambiente o más inestables a través de todas las localidades. Este resultado indica que estos se adaptan mejor a una localidad o ambiente específico.

Los genotipos G15 (T7.RB-50-EN44-13), G6 (TESTIGO 2), G2 (R1.15-17-18-LV14-2) y G1 (R3.10-79-81-LV7-1) destacan por su rendimiento y estabilidad en los ambientes estudiados, estos resultados permiten identificar el grupo de genotipos que más se acerca al genotipo ideal el cual es descrito por Kendal (2019) como el que tiene un mejor desempeño en rendimiento promedio y estabilidad en todos los ambientes

evaluados. Basado en este concepto en la Figura 2B, se presenta una clasificación de los genotipos en los ambientes estudiados. Como esta representación gráfica del genotipo ideal es solo simbólica, sirve como referencia para comparar los otros genotipos. Por lo tanto, según el gráfico de clasificación el genotipo ideal debe tener un vector largo y una IG X A baja (flecha dentro del círculo más pequeño en el área del gráfico). Así, el genotipo IDIAP T-8 (G6) fue el más cercano al ideal seguido del G15 (T7.RB-50-EN44-13), G2 (R1.15-17-18-LV14-2) y G3 (ICLN-1) los cuales reunieron las características de alto rendimiento y estabilidad.

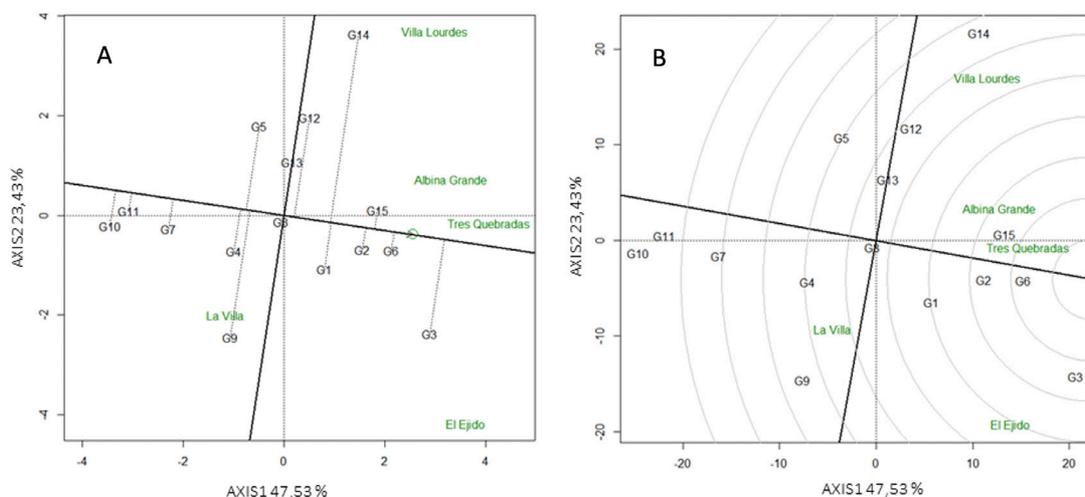


Figura 2. Análisis biplot de la media frente a estabilidad (A) y biplot de clasificación de 15 genotipos de tomate (B) en función al rendimiento en 5 ambientes de la provincia de Los Santos, Panamá.

Comportamiento de los ambientes

Al seleccionar un ambiente de prueba ideal, tiene que ser discriminativo y representativo de los genotipos y el grupo ambiental. La capacidad de un entorno para discriminar un genotipo se destaca por el tamaño del vector, por lo tanto, cuanto más largo es el vector, más discriminante es este entorno (Yan *et al.* 2007).

La representatividad entorno se puede visualizar en el ángulo formado por la línea discontinua de un entorno con el eje medio ambiente (Lima *et al.* 2023).

Los resultados obtenidos muestran que el ambiente más discriminante es El Ejido seguido de la localidad de Villa Lourdes (Figura 3A). Ambos ambientes son poco representativos lo que los hace útiles para seleccionar genotipos

adaptados a condiciones específicas, si los ambientes objetivo se pueden dividir en grupos ambientales (Yan *et al.* 2007). El entorno más representativo fue Tres Quebradas seguido de la localidad de Albina Grande, el primero, además de ser el más representativo mostró una buena capacidad de discriminación lo que lo convierte en el mejor entorno de los estudiados para separar eficientemente los genotipos, además de permitir la selección de cultivares ampliamente adaptables a otros ambientes.

Si un entorno tiene una alta capacidad de discriminación y representatividad genotípica,

entonces es un entorno ideal (Adham *et al.* 2022). Con base en el Biplot de capacidad de discriminación y representatividad, ningún ambiente del estudio ocupa la primera posición en ambos análisis. Para complementar y respaldar los análisis de capacidad de discriminación y representatividad se realizó un análisis de clasificación de los ambientes que se presenta en la Figura 3B. El entorno ideal estaba ubicado en el centro de los círculos concéntricos, lo que confirmó que el mejor ambiente fue el de Tres Quebradas en el cual los genotipos se desempeñaron mejor que en los otros ambientes estudiados.

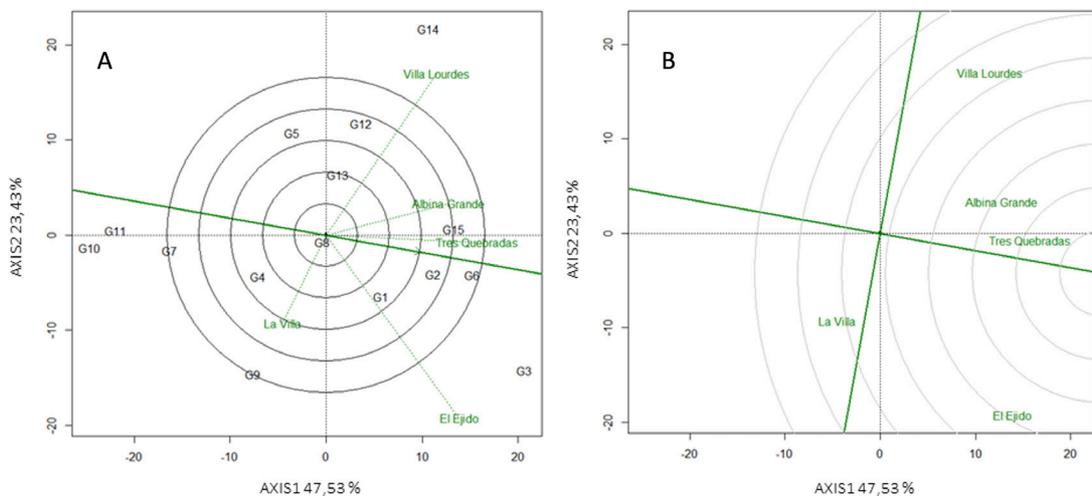


Figura 3. Capacidad de discriminación frente a la representatividad (A) y clasificación de los 5 ambientes (B) con base en el rendimiento de los 15 genotipos evaluados en la provincia de Los Santos Panamá.

CONCLUSIONES

El análisis Biplot GGE-SReg permitió hacer un análisis eficiente de la $IG \times A$, lo que lo convierte en una herramienta muy eficiente para identificar genotipos superiores con una buena adaptabilidad y estabilidad a la región de interés.

Se identificó como genotipos superiores adaptados a la mayor región productora

de tomate industrial en Panamá, a los mutantes T7.RB-50-EN44-13, R1.15-17-18-LV14-2 y R3.10-79-81-LV7-1 los cuales sobresalieron por su estabilidad y rendimiento sobre los testigos.

Se demostró la importancia de la mejora por mutaciones en el desarrollo nuevos cultivares con características agronómicas sobresalientes en el cultivo del tomate.

LITERATURA CITADA

- Adham, A; Ghaffar, MBA; Ikmal, AM; Shamsudin, NAA. 2022. Genotype \times environment interaction and stability analysis of commercial hybrid grain corn genotypes in different environments. *Life* (Basel, Switzerland) 12(11):1773. DOI: <https://doi.org/10.3390/life12111773>
- Albuquerque de Oliveira, TR; de Amaral Gravina, G; Ferreira de Oliveira, GH; Cordeiro Araújo, K; Cordeiro Araújo, L; Figueiredo Daher, R; Vivas, M; Marques Gravina, L; Pura da Cruz, D. 2018. The GT biplot analysis of green bean traits. *Ciencia rural* 48(6):1-6. DOI: <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20170757>
- Alvarado, G; Rodríguez, FM; Pacheco, A; Burgueño, J; Crossa, J; Vargas, M; Pérez-Rodríguez, P; Lopez-Cruz, MA. 2020. META-R: A software to analyze data from multi-environment plant breeding trials. *The Crop Journal* 8(5):745-756. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.cj.2020.03.010>
- Crossa, J; Cornelius, PL. 1997. Sites regression and shifted multiplicative model clustering of cultivar trial sites under heterogeneity of error variances. *Crop Science* 37(2):406-415. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183x003700020017x>
- Diouf, I; Derivot, L; Koussevitzky, S; Carretero, Y; Bitton, F; Moreau, L; Causse, M. 2020. Genetic basis of phenotypic plasticity and genotype \times environment interactions in a multi-parental tomato population. *Journal of Experimental Botany* 71(18):5365-5376. DOI: <https://doi.org/10.1093/jxb/eraa265>
- Djidonou, D; Leskovar, DI; Joshi, M; Jifon, J; Avila, CA; Masabni, J; Wallace, RW; Crosby, K. 2020. Stability of yield and its components in grafted tomato tested across multiple environments in Texas. *Scientific Reports* 10(1):13535. DOI: <https://doi.org/10.1038/s41598-020-70548-3>
- El-Soda, M; Malosetti, M; Zwaan, BJ; Koornneef, M; Aarts, MGM. 2014. Genotype \times environment interaction QTL mapping in plants: lessons from Arabidopsis. *Trends in Plant Science* 19(6):390-398. DOI: <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2014.01.001>
- FAO (Food and Agriculture Organization). 2021. Faostat: FAO Statistical Databases (en línea, sitio web). Consultado 20 ago. 2023. Disponible en <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>
- Gauch, HG; Piepho, HP; Annicchiarico, P. 2008. Statistical analysis of yield trials by AMMI and GGE: Further considerations. *Crop Science* 48(3):866-889. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.09.0513>
- Guerra Murillo, JA; Villarreal Nuñez, JE; Herrera Vásquez, JA; Aguilera Cogley, V; Osorio Burgos, O. 2016. Manual técnico: Manejo integrado del cultivo de tomate industrial (en línea). Instituto de Investigación Agropecuaria de Panamá. Consultado 27 jul. 2023. Disponible en <http://www.idiap.gob.pa/download/manual-tecnico-manejo-integrado-del-cultivo-de-tomate-industrial/?wpdmdl=3309>
- Kendal, E. 2019. Proficiency of biplot methods (Ammi and gge) in the appraisal of triticale genotypes in multiple environments. *Applied Ecology and Environmental Research* 17(3):5995-6007. DOI: https://doi.org/10.15666/aer/1703_59956007
- Lima, JA; Rossi, AAB; de Oliveira Santos, T; Penna, GF; Tardin, FD; dos Santos Trindade, R; de Oliveira Guimarães, PE; de Paulo Campos Godinho, V; do Amaral Junior, AT; Cordeiro, AGM; dos Santos, RC; de Jesus, MSF; de Souza Pogalsky, L; Tiago, AV; de Pedri, EM; Ferreira, EL; Zanetti, GT. 2023. Adaptabilidade e estabilidade de híbridos de milho para o sul do bioma Amazônia via GGE biplot (en línea). *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 58(AA):02931. Consultado 27 jul. 2023. Disponible en <https://seer.sct.embrapa.br/index.php/pab/article/view/27252/15141>
- MIDA (Ministerio de Desarrollo Agropecuario). 2022. Dirección nacional de agricultura cierre agrícola 2021-2022 (en línea). Consultado 3 ago. 2023. Disponible en <https://mida.gob.pa/wp-content/uploads/2022/11/CIERRE-2021-2022-ultimo-23-11.pdf>
- Mudada, N; Chitamba, J; Macheke, TO; Manjeru, P. 2017. Genotype \times environmental interaction on seed cotton yield and yield components. *Oalib* 04(11):1-22. DOI: <https://doi.org/10.4236/oalib.1103192>
- Pacheco, A; Vargas, M; Alvarado, G; Rodríguez, F; Crossa, J; Burgueño, J. 2016. GEA-R (Genotype \times Environment Analysis with R for windows) version 4.1 (en línea). CIMMYT Research Data and Software Repository Network. Consultado 15 jul. 2023. Disponible en <https://data.cimmyt.org/dataset.xhtml?persistentId=doi:10.1529/10203>
- Tonk, FA; Ilker, E; Tosun, M. 2011. Evaluation of genotype \times environment interactions in maize hybrids using GGE biplot analysis. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 11(1):01-09. DOI: <https://doi.org/10.1590/s1984-70332011000100001>
- Yan, W. 2014. *Crop variety trials: Data management and analysis*. West Sussex, Reino Unido, John Wiley & Sons. 360 p.
- Yan, W; Kang, MS. 2002. *GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists*. New York,

- United States of America, CRC Press. 288 p. DOI: <https://doi.org/10.1201/9781420040371>
- Yan, W; Kang, MS; Ma, B; Woods, S; Cornelius, PL. 2007. GGE biplot vs. AMMI analysis of genotype-by-environment data. *Crop Science* 47(2):643-653. DOI: <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.06.0374>
- Yihunie, TA; Gesesse, A. 2018. GGE biplot analysis of genotype by environment interaction in field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes in northwestern Ethiopia. *Journal of Crop Science and Biotechnology* 21(1):67-74. DOI: <https://doi.org/10.1007/s12892-017-0099-0>



Agronomía Costarricense. Universidad de Costa Rica. Se encuentra licenciada con Creative Commons Atribución-NoComercial-SinDerivar 4.0 Internacional. Para mayor información escribir a rac.cia@ucr.ac.cr