JOURNAL OF THE Selva Andina Research Society
Official Journal of the Selva Andina Research Society.

Artículo Original

ISSN 2072-9294 (print edition)
JSARS
ISSN 2072-9308 (online edition)

Diversidad morfológica de fruto de una colección de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) mediante fenotipado basado en imágenes digitales

Morphological diversity determination of the tomato fruit collection (*Solanum lycopersicum* L.) by phenotyping based on digital images

Quispe-Choque Gonzalo*, Rojas-Ledezma Shirley, Maydana-Marca Amalia

Datos del Artículo

Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal.
Proyecto Nacional de Hortalizas.
Villa Montenegro Km 23.5 carretera Cochabamba-Oruro.
Cochabamba, Estado Plurinacional de Bolivia.
Tel: +591-2-2 2124404.

***Dirección de contacto**:
Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal.
Proyecto Nacional de Hortalizas.
Villa Montenegro Km 23.5 carretera Cochabamba-Oruro.
Cochabamba, Estado Plurinacional de Bolivia.
Tel: +591-2-2 2124404.

Gonzalo Quispe-Choque
E-mail address: gonzalo24052011@hotmail.com

Palabras clave:

Caracteres morfométricos,
Fenómica.

J. Selva Andina Res. Soc.
2022; 13(2):51-68.
ID del artículo: 155/JSARS/2021

Historial del artículo.

Recibido noviembre 2021.
Devuelto febrero 2022.
Aceptado mayo 2022.
Disponible en línea, agosto 2022.

Editado por:
Selva Andina Research Society

Keywords:

Morphometric characters,
phenomics.

Resumen

La caracterización del germoplasma es una forma eficaz para desentrañar la diversidad morfológica en caracteres vegetativos y de fruto. Este estudio fue realizado para determinar la diversidad en frutos de tomate (*Solanum* spp.) utilizando ocho descriptores convencionales (DC) y 47 descriptores del software Tomato Analyzer (TA), relacionados con la morfometría de los frutos. Se realizó el fenotipado de 50 accesiones seleccionados por la variación morfológica del Banco Nacional de Recursos Genéticos. Se detectó una variabilidad para las características de la fruta con DC y cuantificados por TA. La forma de la fruta fue el carácter principal utilizado para la agrupación visual de accesiones en diez agrupaciones varietales diferentes de forma: Circular (26 %), Achatada (20 %), Oboval (20 %), Piriforme (12 %), Elíptica (6 %), Cordada (6 %), Cilíndrica (4 %), Oblonga (2 %), Oval (2 %) y Aplanada (2 %) y de tamaño muy maqueño a grande. Se observó una variación significativa para el peso de fruto (3.75-217.44 g), diámetro ecuatorial (17.85-75.55 mm), diámetro polar (17.57-96.76 mm), perímetro (61.86-312.64 mm) y área (249.56-6367.57 mm). Los análisis de componentes principales contribuyeron a la variación total y los dos primeros explicaron el 30.02 % de la variación donde el índice de forma del fruto y la forma del extremo proximal/distal del fruto mostraron una alta contribución en la variación del primer componente. Hubo una fuerte correlación positiva entre la forma y el tamaño de la fruta, mientras que las correlaciones negativas fueron entre el índice de forma de la fruta, la excentricidad interna y la forma del extremo proximal. Los resultados han demostrado que los descriptores del software TA y los DC son una herramienta poderosa para la caracterización y clasificación de las variedades locales de tomate, así como para distinguir entre grupos de cultivares relacionados. Esto tiene importantes implicaciones para la mejora y protección de las variedades locales de tomate.

2022. Journal of the Selva Andina Research Society®. Bolivia. Todos los derechos reservados

Abstract

Germplasm characterization is an effective way to unravel morphological diversity in vegetative and fruit characters. This study was conducted to determine diversity in tomato (Solanum spp.) fruits using eight conventional descriptors (CD) and 47 Tomato Analyzer (TA) software descriptors related to fruit morphometry. Phenotyping was carried out on 50 accessions selected for morphological variation from the National Genetic Resources Bank. Variability was detected for fruit characteristics with CD and quantified by TA. Fruit shape was the main character used for visual grouping of accessions into ten different varietal groupings of shape: Circular (26 %), Flattened (20 %), Oboval (20 %), Pyriform (12 %), Elliptical (6 %), Chordate (6 %), Cylindrical (4 %), Oblong (2 %), Oval (2 %) and Flattened (2 %) and from very small to large size. Significant variation was observed for fruit weight (3.75-217.44 g), equatorial diameter (17.85-75.55 mm), polar diameter (17.57-96.76 mm), circumference (61.86-312.64 mm) and area (249.56-6367.57 mm). Principal component analysis contributed to the total variation and the first two explained 30.02 % of the variation where fruit shape index and proximal/distal end shape of the fruit showed high contribution in the variation of the first component. There was a strong positive correlation between fruit shape and fruit size, while negative correlations were between fruit shape index, internal eccentricity and

proximal end shape. The results have shown that TA software descriptors and CD are a powerful tool for characterising and classifying tomato landraces, as well as for distinguishing between groups of related cultivars. This has important implications for the breeding and protection of tomato landraces.

2022. Journal of the Selva Andina Research Society®. Bolivia. All rights reserved

Introducción

El tomate (*Solanum* spp.) una especie diploide, autógama de la familia *Solanaceae* con doce pares de cromosomas (2n=24), considerada como hortaliza importante en el mundo con potencial de rendimiento de 33.98 $t_{*}ha^{-1}$ además, una especie muy estudiada en términos de su genética[1,2]. Este hecho deriva en los diversos tipos de frutos que esté género presenta, las variadas formas de consumo que ofrece, particularmente como una fuente vegetal importante de carotenoides, vitaminas, carbohidratos, así como otros minerales esenciales[3-5].

El género *Solanum* tiene como centro de origen la región andina del continente americano, conformado por Chile, Perú, Colombia, Ecuador y Bolivia[5]. Mediante programas de colecta, actualmente se han identificado más de 11 especies silvestres, que difieren en su hábito de crecimiento, madurez, forma, tamaño y color de fruto[6-8]. Las diferencias de formas son el resultado de diferencias en los genes que controlan la tasa relativa de crecimiento, entre la dimensión polar y ecuatorial. Por lo tanto, las diferentes formas podrían atribuirse típicamente a combinaciones alélicas homocigóticas recesivas/dominantes, así como heterocigotas.

El software Tomato Analyzer (TA) desarrollado por Van der Knaap[9] puede proporcionar resultados más precisos, consistentes, objetivos, a partir de imágenes escaneadas de secciones de frutos y medir atributos de forma que son imposibles o poco prácticos de determinar manualmente. Además, permite calificar una gran cantidad de formas de frutos y rasgos de color de la pulpa. Se han realizado varios estudios con TA para caracterizar variedades locales de tomate[10-13], y la genética de la forma del fruto en este cultivo [14-17]. Estos estudios revelan que TA es una poderosa herramienta para describir con precisión la morfología del fruto del tomate, gracias al uso de un descriptor matemático único asociado a un atributo de forma. En consecuencia, TA puede ser una herramienta complementaria a los descriptores convencionales (DC) para la caracterización de variedades locales de tomate y así distinguir materiales estrechamente relacionados.

Para el presente estudio se realizó la selección de accesiones por su variación morfológica, mediante técnicas convencionales. Las accesiones estuvieron compuestas por variedades internacionales, accesiones silvestres ceraciformes de las especies *S. pimpinellifolium* y *S. chmielewskii*. El objetivo principal de este estudio fue determinar la variación morfológica de fruto de una colección de germoplasma de tomate mediante fenotipado basado en imágenes digitales analizadas en TA y DC. Por lo tanto, la aplicación de una herramienta de fenotipado de alto rendimiento es importante para bancos de germoplasma y programas de mejoramiento, para futuras estrategias de conservación y uso eficiente de los genes de interés agronómico.

Materiales y métodos

Material genético. Se seleccionó 50 accesiones, que varían en forma, tamaño y color de la fruta, de la co-

lección de germoplasma de tomate del Banco Nacional de Recurso Genéticos de Hortalizas (BNRGH) del Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal (INIAF). Las accesiones seleccionadas consistieron en variedades introducidas (40), líneas de mejoramiento (8) y parientes silvestres (2). Los datos de pasaporte de accesión registraron 18 diferentes países como proveedores de germoplasma. Las plántulas se cultivaron en un invernadero con 12/12 h de luz/oscuridad, 25±2º C de temperatura y por debajo del 70-80 % de humedad relativa. Posteriormente las plántulas se trasplantaron en macetas y fueron cultivadas en condiciones de invernadero hasta la etapa productiva en el Centro Nacional de Producción de Semilla de Hortalizas (CNPSH), Sipe Sipe, Cochabamba.

Caracterización de descriptores convencionales. Durante la fase de maduración, la caracterización se basó principalmente en 8 DC relacionados con el fruto, utilizados para la caracterización de tomates por mejoradores y bancos de germoplasma[18]. Entre los caracteres evaluados, tres fueron medidos cuantitativamente y cuatro características fueron evaluadas cualitativamente. Los datos del descriptor convencional se recolectaron de diez frutos cosechados a partir del segundo racimo de cada planta por accesión.

Caracterización con descriptores de Tomato Analyzer. Se prepararon diez frutos por accesión para determinar los descriptores morfométricos y colorimétricos. El fruto se escaneó con sección de fruta longitudinal y transversal utilizando un escáner fotográfico Canon lidescan 300, a una resolución de 300 dpi y se sometieron a análisis morfométrico y colorimétrico con el software TA versión 3.0.[19] Obteniéndose 47 descriptores de forma automática incluyendo mediciones básicas (7), índice de forma del fruto (3), formación de bloques (3), homogeneidad (3), forma del extremo proximal/distal del fruto (4), asimetría (6), excentricidad interna (5), valores medios de color (9) y sección latitudinal (3). Todos los descriptores del fruto fueron métricos. Los ajustes por defecto se utilizaron para descriptores en la formación de bloques, la forma del extremo proximal y la forma del extremo distal de los frutos[18].

Análisis fenómico. Se realizó un análisis estadístico descriptivo para la media, mínima, máxima, desviación estándar, rango y coeficiente de variación para todas las características estudiadas. Se efectuaron diagramas de dispersión para diferentes grupos de descriptores de TA, con el fin de mostrar la variación entre accesiones. Se calcularon coeficientes de correlación simple entre cada par de carácter, para revelar la relación entre las características dentro de los genotipos estudiados. El agrupamiento de accesiones se realizó con base a 47 descriptores de TA de frutos, utilizando el análisis de conglomerado mediante el método Average y el coeficiente Euclidiano. Para comprender la diversidad de germoplasma de tomate e identificar el potencial dentro y entre los tipos de variedades, los descriptores de frutos de TA[19] se examinaron exhaustivamente a través de un análisis multivariado y de componentes principales (CP). Se utilizó un análisis discriminante para clasificar las accesiones de tomate sobre la base de las características de forma recopiladas del software TA. Para el análisis de datos se utilizaron el software XLSTAT versión 20 y R versión 4.1.1.[20] (paquetes ggplot2, FactoMineR, Factoextra, FactoextramissMDA, circlize y corrplot).

Resultados

Evaluación visual. Se observó una diversidad considerable entre las accesiones estudiadas, para la forma, tamaño y color del fruto, Figura 1. Basado en descriptores internacionales[17,18], todo el material genético se dividió en 10 grupos de acuerdo a la forma

de sus frutos: Circular (26 %), Achatada (20 %), Oboval (20 %), Piriforme (12 %), Elíptica (6 %), Cordada (6 %), Cilíndrica (4 %), Oblonga (2 %), Oval (2 %) y Aplanada (2 %). El descriptor polimórfico color exterior de la fruta madura varió en cuatro estados (amarillo, naranja, rosado y rojo). La accesión silvestre PNH1 perteneciente a la especie *S. chmielewskii*, aún era de color verde cuando los frutos alcanzaron la madurez. Se observó accesiones con tamaño de frutos variables que van desde frutos muy pequeños a grandes. Los frutos categorizados como muy pequeños estuvieron asociados a *S. pimpinellifolium* (BOL8451HT) y *S. chmielewskii* (PH1). Los frutos pequeños estuvieron representados por *S. ceraciforme*.

Figura 1 La variabilidad representativa de la fruta de diferentes tipos de variedades mostrada en la fruta entera

Tabla1 Estadística descriptiva para todas las accesiones de tomate evaluadas por descriptores convencionales

Descriptor (Unid)	Cod.	Descriptivo				
		Media	Rango	Mín.	Máx.	CV
Descriptor convencional						
Peso de fruto (g)	PF	75.59	213.69	3.75	217.44	67.64
Diámetro Ecuatorial (mm)	DE	47.26	57.7	17.85	75.55	29.5
Diámetro Polar (mm)	DP	54.26	79.19	17.57	96.76	32.22
Descriptor Tomato Analyzer medidas básicas						
Perímetro (mm)	P	192.66	250.783	61.86	312.64	30.05
Área (mm^2)	A	2439.33	6118.013	249.56	6367.57	48.94
Anchura Media Altura (mm)	WMH	48.77	67.691	17.7	85.39	30.5
Anchura Máxima (mm)	MW	49.49	68.453	17.78	86.23	30.17
Altura Mitad Anchura (mm)	HMW	57.22	85.048	17.86	102.91	32.49
Altura Máxima (mm)	MH	59.83	91.186	17.95	109.14	32.31
Altura de Curvatura (mm)	CH	63.01	92.739	20.73	113.47	32.59
Índice de la forma de fruto						
Índice Externo I	FSEI	1.25	1.421	.74	2.16	29.86
Índice Externo II	FSEII	1.22	1.594	.67	2.26	32.47
Índice Curvatura del Fruto	FSC	1.33	1.55	.79	2.34	29.11
Bloque						
Bloque Proximal de la Fruta	PFB	.78	.5	.46	.96	15.14
Bloque Distal Fruta	DFB	.67	.599	.27	.87	21.47
Triangulo de Forma Fruta	FST	1.23	2.165	.68	2.84	29.68
Homogeneidad						
Elipsoide	E	.05	.143	.01	.15	58.91
Circular	C	.1	.245	.01	.25	61.65
Rectangular	R	.51	.163	.41	.57	7.38
Forma del extremo proximal del Fruto						
Altura de los Hombros	SH	.02	.070	0	.07	94.56
Micro Angulo Proximal	PMI	159.14	323	4.2	327.2	47.73
Macro Angulo Proximal	PMA	125.46	231.75	3	234.75	33.92
Área Indentación Proximal	PIA	.02	.102	0	.1	119.8
Forma del extremo distal de la fruta						
Micro Angulo Distal (grados)	DMI	134.73	145.75	39.65	185.4	23.72
Macro Angulo Distal (grados)	DMA	110	140.85	5.65	146.5	21.97
Área Indentación Distal	DIA	1.70E-03	.027	0	.03	294.79
Protuberancia Extremo Distal	DEA	.02	.3	0	.3	239.91
Asimetría						
Obovoide	OB	.03	.344	0	.34	238.37
Ovoide	OV	.14	.308	0	.31	58.53
V. Asimetría	ASv	.1	.374	.01	.38	74.73
H. Asimetría ob	Asob	.05	.747	0	.75	266.8
H. Asimetría ov	Asov	.16	.542	0	.54	75.96
Ancho Posición más amplia	WWP	.48	.333	.35	.68	14.55
Excentricidad interna						
Excentricidad	EC	.7	.281	.51	.79	6.06
Excentricidad Proximal	PEC	.84	.319	.57	.89	5.06
Excentricidad Distal	DEC	.84	.062	.83	.89	1.55
Índice Forma de Fruta Interna	FSI	1.19	1.664	.6	2.26	30.97
Índice de área de excentricidad	EA	.5	.163	.37	.54	6.44

Tabla 1 Estadística descriptiva para todas las accesiones de tomate evaluadas por descriptores convencionales (continuación)

Valores medios de color						
Rojo	Red	146.47	56.238	118.68	174.92	9.73
Verde	Green	72.98	68.808	51.65	120.46	22.52
Azul	Blue	61.23	41.28	42.73	84.01	16.08
Luminosidad media	AL	97.19	40.013	77.02	117.03	10.23
L*	L	40.22	21.965	30.79	52.75	12.99
a*	A	26.78	41.221	-2.71	38.51	29.38
b*	B	23.87	20.757	18.74	39.5	24.05
Ángulo de tono	HA	42.15	64.525	30.71	95.24	34.14
Chroma	CHR	36.9	18.444	29.69	48.13	11.62
Sección latitudinal						
Grado de lobulación	LD	1.37	4.143	.32	4.47	58.64
Área del Pericarpio	PA	.55	.352	.28	.63	7.43
Espesor del pericarpio	PT	.25	.13	.13	.26	7.19

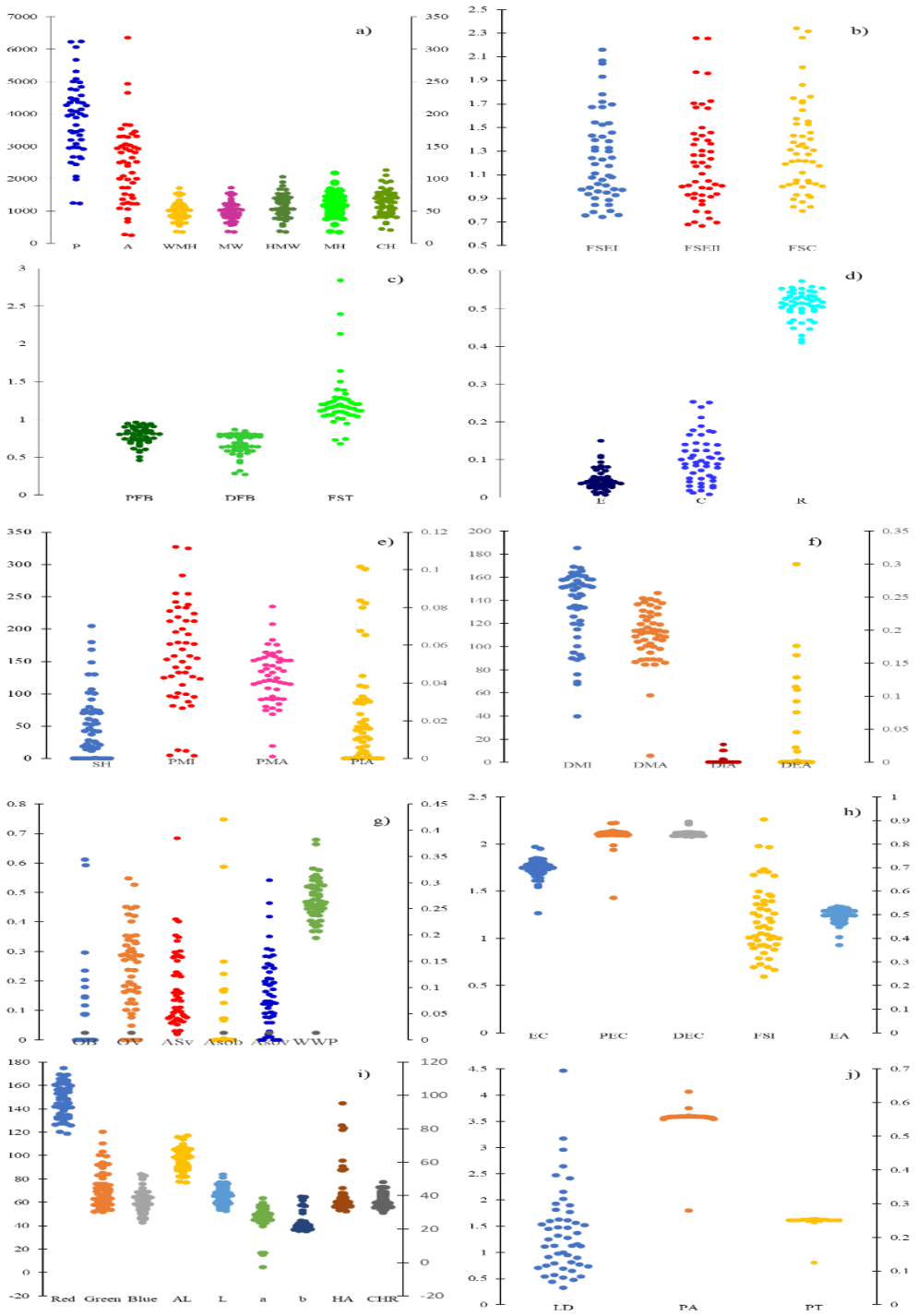
Estadística descriptiva y variación de los caracteres de los frutos. Los 47 descriptores de TA demostraron una variación significativa, para los diferentes rasgos morfométricos y colorimétricos de la fruta. El coeficiente de variación fue inferior al 34 % para 33 descriptores en características relacionadas con el tamaño del fruto, medidas básicas, el bloqueo, índice de la forma de fruto, valores medios de color, área y espesor de pericarpio. En algunos casos esta variación ha sido muy importante para algunas categorías de descriptores como el peso de fruto (3.75-217.44 g), diámetro ecuatorial (17.85-75.55 mm), diámetro polar (17.57-96.76 mm), perímetro del fruto (61.86-312.64 mm) y área del fruto (249.56-6367.57 mm). Sin embargo, para los descriptores de homogeneidad, asimetría, índice de la forma del fruto y bloqueo, el rango de variación observada fue limitada (Tabla 1). Algunas accesiones mostraron un valor mínimo de 0 (cero) para las variables de altura de los hombros, Área de indentación proximal, Área de indentación distal, protuberancia extremo distal, asimetría (obovoide, ovoide asimetría horizontal obovoide y asimetría horizontal ovoide). Teniendo en cuenta las características de la forma de la fruta. Los frutos de *S. pimpinellifolium* y S. *chmielewskii* fueron más pequeños que *S. ceraciforme*, además sus frutos eran redondeados y con un mínimo ángulo distal y proximal.

El software TA reveló las complejidades asociadas con las características externas e internas de la fruta a través de la distribución de los datos, Figura 2. Las secciones longitudinales de la fruta generaron información completa sobre el tamaño de la fruta (Figura 2a), la forma (Figura 2b-h) y las características del color (Figura 2i). La información relacionada con las características internas del pericarpio, la placenta y el tabique fue difícil de extrapolar mediante un corte longitudinal, por lo tanto, se utilizaron secciones latitudinales de la fruta para detectar la variación de la accesión del área y el grosor del pericarpio (Figura 2j).

Análisis de Componentes Principales (PCA). Se utilizó PCA multivariado para cuantificar posibles combinaciones o diferencias de caracteres que contribuyeron a la variación en la forma, tamaño y color de la fruta. Se identificaron un total de 47 componentes principales que contribuyeron a la variación total (Figura 3). El análisis reveló diez componentes principales que contribuyeron a la mayor parte de la varianza total acumulada. PC1 a PC10 contribuyo con 23.3 %, 14.7 %, 11.6 %, 9.7 %, 6.4 %, 5.9 %, 5.0 %,

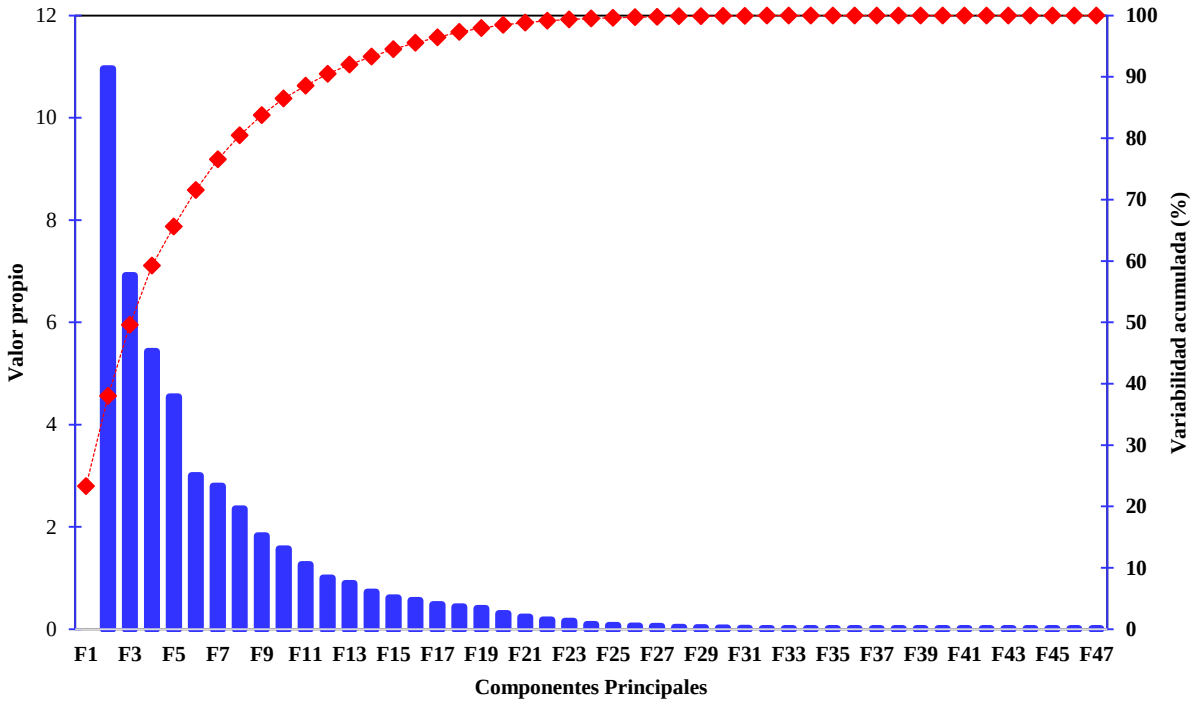
3.9 %, 3.3 % y 2.7 % de variación, respectivamente un total de 86.5 % de la varianza (Figura 3).

Figura 2 Diagramas de dispersión que muestran la distribución de diferentes parámetros morfométricos y colorimétricos del fruto medidos con Tomato Analyzer. Las características externas de la fruta de la sección longitudinal se miden utilizando medidas básicas (a), descriptores de forma del fruto (b-h) y color (i). Las características internas del fruto del pericarpio, la placenta y el tabique se observan en la sección j



Los resultados del biplot de PCA señala que todas las accesiones de tomate se distribuyeron en cuatro cuadrantes (Figura 4). Los primeros dos componentes explicaron el 30.02 % de la variación total y los componentes restantes contribuyeron aproximadamente con el 61.9 % de la variación total. El primer componente (PC1) determinó el 23.3 % de la variación total, que fue aportada por 18 descriptores de TA fuertemente correlacionados. Entre 18 caracteres, el perímetro de fruto (P), altura mitad anchura (HMW), anchura máxima (MH) y altura de curvatura (CH) señala la correlación más fuerte (> 0.8), mientras que las otras 14 características presentaron correlaciones que varían de 0.6 a 0.7. Los descriptores que contribuyeron a la variación total en el primer componente se relacionaron con medidas básicas, bloqueo, homogeneidad, forma del extremo proximal/distal del fruto, asimetría, excentricidad interna e índice de forma del fruto.

Figura 3 Gráfica de varianza por pares de PCA para mostrar la variación porcentual explicada por cada componente principal. La línea roja indica la variación acumulada de 1 a 47 componentes

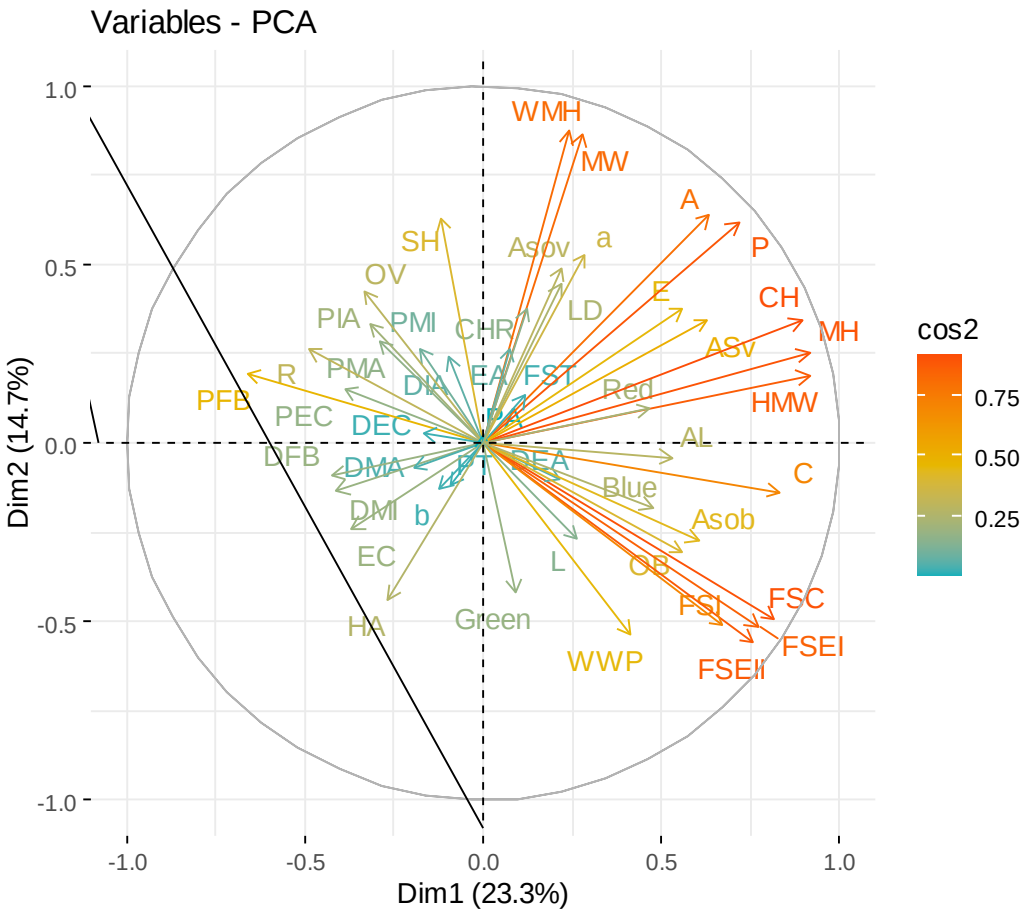


Se asignaron diferentes colores de degradado a los caracteres que contribuyeron a CP1 y CP2, Figura 4. Los caracteres asociados con forma del extremo distal de la fruta, color de fruto e índice de área de excentricidad poseen la menor variación (gradiente <2) mientras que los descriptores de la forma del fruto contribuyeron a una variación moderada (gradiente> 2 y> = 5). La variabilidad moderada a más alta de PC1 y PC2 se explicó por el tamaño, el peso de fruto, medidas básicas e índices de la forma de fruto (gradiente de> 5 y <7). La mayor variación (gradiente> 7) se debió al diámetro ecuatorial, anchura media altura, perímetro y diámetro polar (Figura 4).

Los caracteres correlacionados positivamente que contribuyeron a la variación total de PC1 se relacionaron con el diámetro polar (DP), ecuatorial (DE), perímetro (P), área (A), anchura media altura (WMH), Altura mitad anchura (HMW) y altura de

curvatura (CH) de las medidas básicas, así como el índice de curvatura de fruto (FSC) (Figura 4). Los descriptores correlacionados negativamente que contribuyeron a la variación del primer componente se relacionaron con el bloque proximal de la fruta (PFB), bloque distal del fruto (DFB), ovoide (OV), área del pericarpio (PA), espesor del pericarpio (PT), valores medios de color b y ángulo de tono (HA) (Figura 4). CP2 se correlacionó fuertemente con el peso de fruto (PF), diámetro ecuatorial (DE), número de lóculos (NL), anchura máxima (MW) y anchura media altura (WMH).

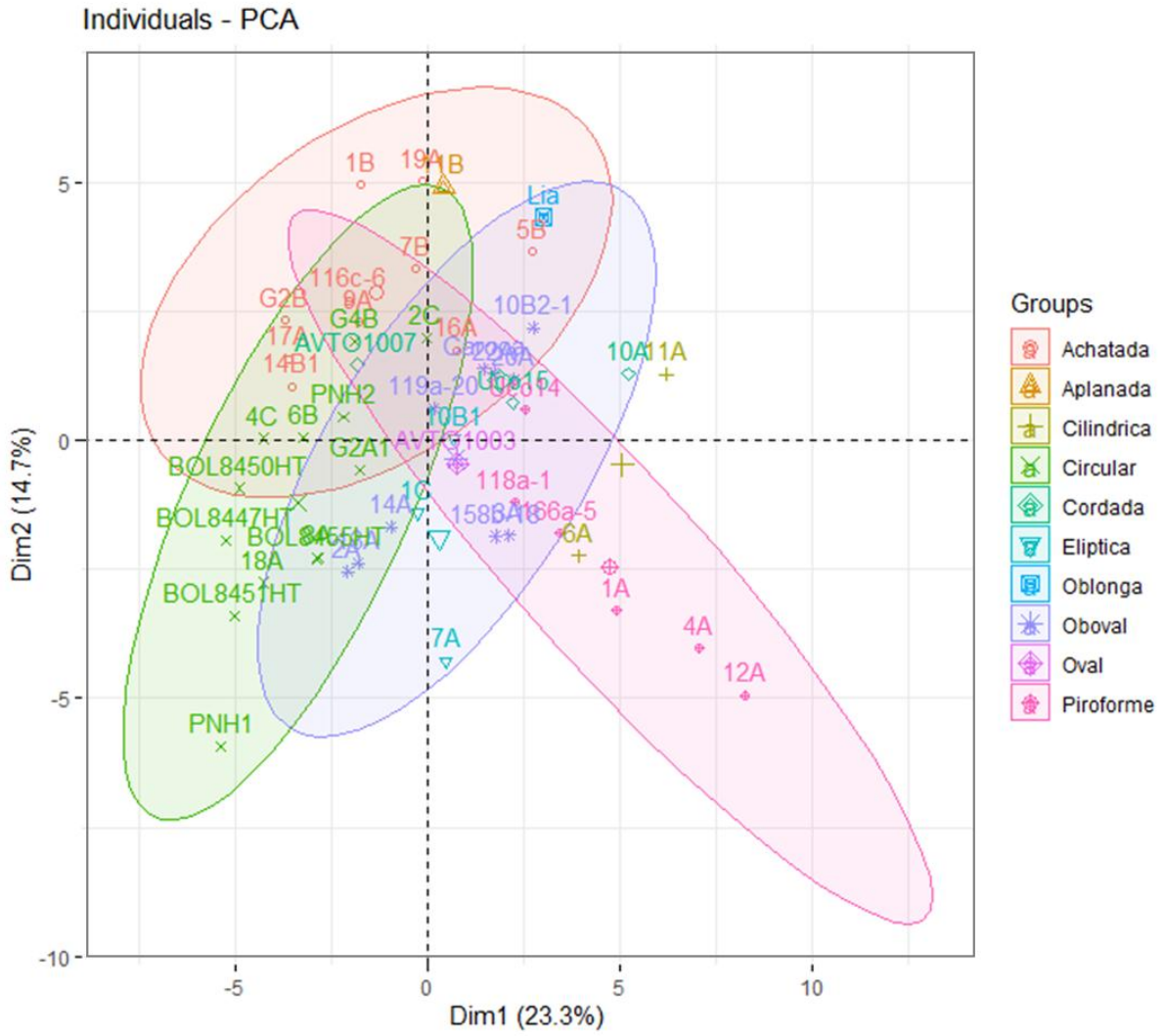
Figura 4 Biplot de PCA que muestra descriptores colorimétricos y morfométricos del fruto en las accesiones



Todas las accesiones de tomate se dispersaron en todos los cuadrantes del grafico de elipse del análisis de componentes principales (PCA) y no mostraron agrupaciones distintas (Figura 4), sin embargo, las accesiones pertenecientes a grupos específicos poblaron en su mayoría cuadrantes específicos basados en descriptores de TA (Figura 4). Las accesiones pertenecientes a la forma achatada se limitaron al cuadrante positivo de PC2, mientras que la mayoría de las accesiones de forma oboval y piriforme se encontraron en el cuadrante positivo de CP1 y el cuadrante positivo de CP2. Las accesiones pertenecientes a la

forma circular se distribuyeron negativo de CP1 y el cuadrante positivo de PC2.

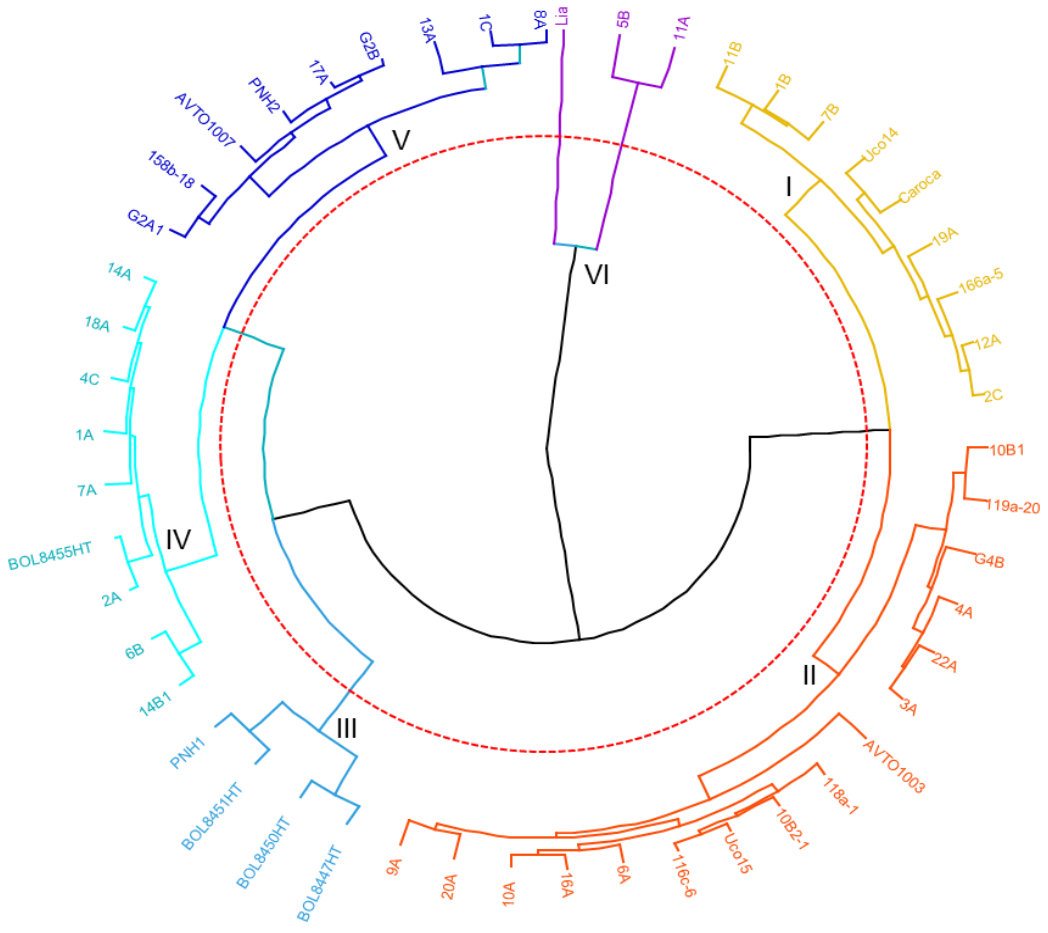
Figura 5 Biplot de PCA que muestra grupos de accesiones categorizadas por forma de fruto y se asignan diferentes símbolos y colores para mostrar diferentes agrupaciones



Se utilizó el análisis de conglomerados para clasificar accesiones basadas en la similitud. En total, se utilizaron 47 descriptores de TA. El dendrograma polar se obtuvo a través del agrupamiento jerárquico euclideana con la función del coeficiente de Average. Este análisis identifico seis conglomerados distintos independientemente de su tipo de población (Figura 6). Los conglomerados 3 y 4 se agruparon claramente con accesiones que corresponden principalmente a especies silvestres y germoplasma introducido, respectivamente. Los conglomerados 1, 2, 5 y 6 se poblaron con una mezcla de variedades introducidas y líneas de mejoramiento. El grupo 1 estuvo conformado por 9 accesiones de frutos de tamaño intermedio a grandes, de forma Aplanada, achatada y piriforme, con promedio de perímetro y área de fruta de 241.8 y 3446.9 mm. Las accesiones pertenecientes al grupo 2 se caracterizaron por frutos de tamaño intermedio y formas variables achatadas, oboval, cordada

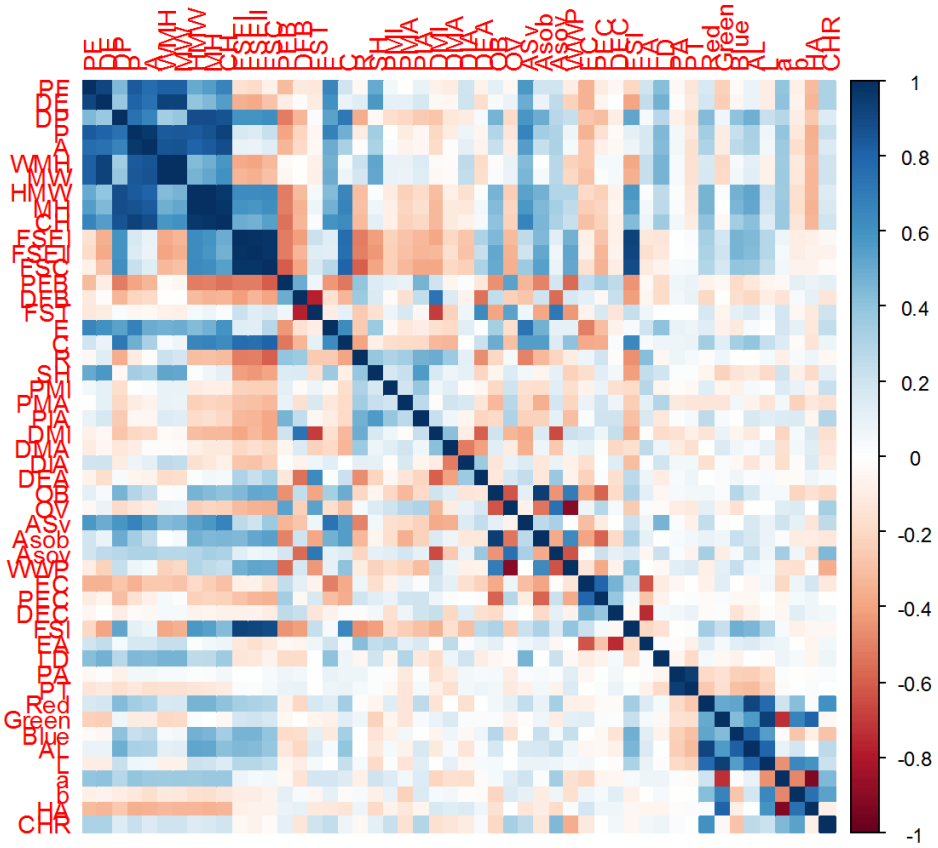
y piroforme, representando un peso promedio de fruto de 88.37 g y un área de pericarpio de 0.558. El conglomerado 3 estuvo conformado por frutos de tamaño muy pequeños a pequeños de forma circular característico de las especies *S. pimpinellifolium*, S. *chmielewskii* y *S. ceraciforme*, con un rango de variación en el área de fruto de 249.55-761.11 mm^2, de dos a tres lóculos y un promedio en el área de pericarpio, perímetro y área de fruto de 0.55, 81.5 y 487.06 mm respectivamente. El grupo 4 representó accesiones de frutos pequeños con forma y color variable, de un perímetro fruto de 138.49 mm. Las accesiones del racimo cinco se agruparon en 6 subgrupos variados. Los conglomerados 5 y 6 se caracterizaron por fruto grande e intermedio, forma achatada, cilíndrica y oblonga. La variación del color fue de rojo a rosado. Con respecto al color de la fruta, las accesiones distribuidas en diferentes racimos estaban pobladas en su mayoría con frutas de color rojo y rosa, sin embargo, algunas accesiones dentro de cada racimo tenían frutos de color naranja, amarillo y verde una mezcla de diferentes tonos de color.

Figura 6 Análisis de conglomerados basado en descriptores de Tomato Analyzer para accesiones de tomate mediante agrupamiento jerárquico aglomerativo por el método euclideano para la disimilitud Average. Colores rojo, azul, morado, naranja, verde agua y verde representan los grupos 1, 2, 3, 4, 5 y 6, respectivamente



La correlación entre diferentes DC y TA se analizó utilizando un mapa de colores de matriz de correlación y en consecuencia los resultados de la correlación del fenotipo mostraron que un total de 137 correlaciones entre negativas y positivas fueron significativas ($p<0.05$) y 283 fueron altamente significativas (Figura 7). Además, Se consideró que los coeficientes >0.28 corresponden a asociaciones que presentan patrones naturales de variación, de esta forma, las correlaciones más importantes fueron 9 entre los caracteres relacionados con el tamaño del fruto, el valor más alto de coeficiente de correlación fenotípica fueron anchura máxima (MW) con anchura media altura (WMH) (r=0.998**) y entre la altura de curvatura (CH) con la altura máxima (MH) (r=0.977**). En general, los valores de coeficiente de correlación fenotípicos entre el peso (g) con los 7 caracteres relacionados con el tamaño del fruto se presentaron por encima de 0.4. Como era de esperar, los frutos con mayor peso presentaron valores de correlación más altos con caracteres como: perímetro, área, anchura a media altura, anchura máxima, altura a mitad de la anchura, altura máxima y altura de la curvatura (P, A, WMH, MW, HMW, MH, CH).

Figura 7 Correlograma del grado de asociación entre caracteres morfométricos, las correlaciones positivas son de color azul y las correlaciones negativas son de color rojo. La intensidad del color es proporcional a los coeficientes de correlación. En el lado derecho del grafico el color de la leyenda muestra los coeficientes de correlación y los colores correspondientes



Con respecto a los caracteres relacionados a la forma del fruto, se presentaron 18 correlaciones con valores altamente significativos, los valores de correlación más cercanos a 1 fueron las correlaciones entre índice de la forma externa del fruto I (FSEI) con el

índice II (FSEII) (r=0.989**), índice de la forma externa del fruto II con el índice de la forma interna del fruto (FSI) (r=0.914**), índice de la forma externa del fruto I con el índice de la forma interna del fruto (r=0.929**) y entre el índice de la curvatura del fruto (FSC) con circular (C) (r=0.800**). También se encontraron 11 correlaciones negativas con valores altos entre caracteres asociados a la forma del fruto como: formación de bloque proximal (PFB) con índice Externo I (FSEI) (r=-0.515**) y con ovoide (OV) (r=-0.560**), índice de la curvatura del fruto (FSC) con rectangular (R) (r=-0.597**), triangulo de la forma del fruto (FST) con Obovoide (OB) (r=-0.394**), y ovoide con ovoide (OV)(r=-0.626**).

Discusión

Se han identificado como una necesidad el uso de información suficiente sobre la variación fenotípica en programas de mejoramiento, conservación y gestión de recursos genéticos, que marca el éxito en dichos proyectos. La información fenotípica es la base fundamental para investigaciones en el área de mejoramiento, sin embargo, la caracterización de forma y tamaño de la fruta heredados cuantitativamente es todavía limitada[21].

Los resultados de la presente investigación apoyan la hipótesis propuesta por anteriores investigaciones[14,15], sobre la amplia diversidad morfológica del tomate, cuyo análisis requiere una combinación de DC más el software TA para fines de clasificación de accesiones nativas e internacionales y su clasificación en grupos relacionados.

Los resultados del análisis de conglomerados, conformó seis agrupaciones poblacionales por tamaño del fruto y formas variadas, además del color de la fruta, que nos proporcionaron una evaluación de la diversidad genética. Mohan et al.[22] observaron diferencias similares en la variabilidad morfológica, entre accesiones de tomate de la India y accesiones derivadas del Centro de Recursos Genéticos del Tomate (TGRC). Figàs et al.[23] postuló que una amplia gama de variaciones observadas en las características de la fruta podría fomentar la producción local de tomates para diferentes usos, tal es el uso de los tomates ceraciformes, y el establecimiento de una colección de núcleos de tomate.

Los datos medidos por TA representaron una variabilidad importante a comparación de los descriptores convencionales relacionados con la morfología del fruto, esto refleja el control de un gran número de loci, ya que la mayoría de los descriptores relacionados con el tamaño y la forma del fruto son de naturaleza poligénica. La mayor variabilidad se representa en los rasgos del fruto, de tamaño, forma y color, Figura 2. Mata-Nicolas et al.[24] reportaron que la mayor variabilidad se concentra en la forma, tamaño y color del fruto en una colección de 163 accesiones. Además, Mohan et al.[22] observaron una amplia diversidad de formas (18.11 %) que incluyen frutos deformados, fusionados, redondos, rayados, ovalados, con muescas y en forma de calabaza. La clasificación de las diferentes accesiones utilizando descriptores internacionales puede llevar a la categorización de las poblaciones de tomate según la forma de la fruta[17,18]. Según las características de la forma del fruto, las accesiones se distribuyeron en diez grupos (Figura 7), y cuatro grupos que indican una población significativa en los frutos circulares, piriformes, achatadas y obovales en comparación con las demás formas. Además, las características morfométricas se asociaron con la forma y tamaño del fruto. Según Rodríguez et al.[12] los genotipos con forma de fruto Obovoide y mucho de los elipsoides, rectangulares y cordados portan el alelo mutante *OVATE* mientras que los tomates largos y corazón de buey portan el alelo mutante *SUN*[24] La mutación más frecuente en

tomates aplanados es *LC* seguida de *FAS* aunque aún se desconoce el origen especifico. Los alelos de estos genes explican hasta el 71 % de la variación observada para los atributos específicos de la forma de la fruta. Según este dato, Bai & Lindhout[25] informaron que los tomates silvestres son casi invariablemente redondos en comparación con los cultivares comunes con diferentes formas, por ejemplo, redondos, achatados, de pera y acampanadas. Por otro lado, generalmente, considerando la demanda comercial, la forma de la fruta es uno de los criterios de interés en los programas de mejora del tomate[12,26].

Cabe resaltar que dentro el ámbito comercial la forma del tomate es esencial para diferentes procesos productivos, por ejemplo, los tomates rectangulares están destinados a la producción de pasta de tomate, salsa y productos enlatados. Las formas elipsoides, redondas y de corazón están destinadas a los mercados de productos frescos y se utilizan para el consumo de ensaladas. Las frutas planas y grandes se utilizan en el mercado de productos frescos[27].

Las principales características en TA se basan en la evaluación de la sección longitudinal y transversal para efectos de identificar las características internas del fruto (área y grosor del pericarpio), anteriores trabajos de tomate señalan similares enfoques[14,16,19] quienes clasificaron las frutas de tomate en función de las características de altura y anchura de las frutas (medidas básicas) en tres grupos, a saber, pequeño, mediano y grande, mientras que Henareh et al.[28] caracterizó y agrupó 97 accesiones de tomates iraníes y turcos en cinco grupos. La información derivada del análisis de conglomerados ayuda tanto a los obtentores como a los curadores de los bancos de genes a aplicar los resultados obtenidos para sus fines de reproducción y conservación. Con base en la similitud y comparación de los estudios de poblaciones, se podría conocer el nivel de heterogeneidad de los padres deseables para los cruces dirigidos, la presencia de duplicación en las poblaciones y la obtención de núcleos a partir de las accesiones estudiadas. De esta manera, no solo se mantienen las variaciones de la colección para diferentes rasgos, sino que también se pueden aplicar variaciones interpoblacionales entre conglomerados heteróticos para obtener progenies superiores. Se ha informado de estudios morfológicos similares para caracterizar el germoplasma de la colección central en algunos otros cultivos[29,30]. Paran & van der Knaap[8] informaron que los intentos de mejoramiento de la domesticación y la selección continua han dado lugar a un aumento notable de las características de los frutos del tomate, es decir, el tamaño y la forma.

Como se describe para el análisis de conglomerados, el análisis de PC también pudo agrupar las accesiones en los distintos grupos como se muestra en el biplot de PC. En general, los análisis multivariados aumentan nuestra comprensión sobre las relaciones entre los rasgos de interés y dan como resultado la distinción de varias categorías que describen diferentes características de los rasgos y accesiones bajo investigación. Por otro lado, la visualización dimensional de las estadísticas obtenidas de dichos estudios podría revelar conocer las contribuciones de cada característica en la variación total. Como se muestra en la Tabla 1, PC1 está fuertemente relacionado con la categoría de medición básica, incluidos los rasgos de perímetro, área, ancho y altura. Se consideró el nombre de la PC1, “Tamaño”. Por otro lado, los parámetros presentados en PC2 se relacionaron con el índice de forma, la forma del extremo proximal del fruto, la forma del extremo distal del fruto, la homogeneidad, la excentricidad interna y la sección latitudinal. Del mismo modo, como se concluyó en esta investigación, Mohan et al.[22] señalo PC1 y PC2 como Tamaño y Forma, respectivamente. En una vista de biplot, la mayoría de las accesiones representadas en todos los

cuadrantes del gráfico y los PCA y discriminantes canónicos indicados fueron herramientas poderosas para la clasificación de las accesiones de tomate en función de las características de la forma y el tamaño de la fruta. La visualización bidimensional de los datos obtenidos mediante TA sometidos a análisis de PC, distinguió claramente a los parientes silvestres de los domesticados. TA demostró la capacidad de reconocer rasgos de frutos pequeños, como formas circulares o ligeramente aplanadas. De hecho, las especies de *S. lycopersicum* L. se distinguieron por medidas básicas que incluían rasgos de perímetro, área, altura y ancho. Mediante el peso del fruto se determinó que los frutos con peso de 10 a 18 g son ceraciformes y los frutos con pesos menores pertenecen a *S. chmielewskii* y *S. pimpinellifolium*, las accesiones de cereza mostraron los niveles más altos de variación calculados por los valores más altos de las características del tamaño de la fruta. Figàs et al.[23] observaron un alto rango de variación para el tamaño de la fruta, desde la fruta pequeña (cereza) hasta la fruta grande en una colección de tomates locales en particular. Tripodi & Greco[31] evaluó la diversidad de nueve especies de *Capsicum* de 48 regiones del mundo mediante el uso de TA más descriptores convencionales, llegando a obtener alta variabilidad en la forma del fruto. Además, Nankar et al.[30] evaluó la diversidad de *Capsicum* limitada a las accesiones de *C. annuum* de seis países Balcánicos. Consideró variables agro-biomorfológicos con motivo de obtener fuentes de genes para la preproducción y el desarrollo de cultivares adaptados localmente.

El peso del fruto (PF) estuvo altamente correlacionado con el grado de lobulación (LD) y las medidas básicas del fruto de manera positiva (Figura 7). Además de los descriptores convencionales de los caracteres morfológicos de la fruta, nuestros hallazgos demuestran que las herramientas de visualización de datos y TA fueron inmensamente útiles para discernir asociaciones entre los descriptores de forma, tamaño y color de la fruta de forma precisa. En general, la recopilación de datos de variación fenotípica nos permitió indexar una colección de tomates e introducir accesiones de tomate en grupos de variedades derivadas de la forma de la fruta. Los resultados de esta investigación fueron análogos con estudios previos de diversidad genética del tomate de DC y frutales (TA). La variación informada para los descriptores de forma, tamaño y color cuantificados de la fruta, tanto con DC y TA se utilizaron para establecer una colección núcleo de tomate y se utilizará aún más para seleccionar y mejorar un tomate con forma de fruta deseable.

Fuente de financiamiento

Proyecto Nacional de Hortalizas (2021), Banco de Germoplasma de Recursos Genéticos Hortalizas del Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal.

Conflictos de intereses

Los participantes en esta investigación aseguramos que no existe ningún problema de intereses relacionados con la planeación, ejecución y reporte de esta investigación que comprometa el valor de los resultados obtenidos o sus consecuencias en términos científicos, técnicos, o de cualquier otro tipo.

Agradecimientos

Al Banco de Germoplasma de Recursos Genéticos Hortalizas del Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal (INIAF), Proyecto Nacional de Hortalizas (PNH), Centro Nacional de Producción

de Semilla de Hortalizas (CNPSH), Cochabamba, Bolivia.

Consideraciones éticas

La aprobación de la investigación se efectuó en base a reglamento de la unidad de recursos genéticos del INIAF, siguió las pautas establecidas para este comité.

Limitaciones en la investigación

Los autores declaran que no hubo limitaciones en la investigación

Aporte de los autores en el articulo

Shirley P. Rojas Ledezma, dirección y ejecución de la fase experimental. *Gonzalo Quispe Choque*, colecta de datos, análisis estadístico, revisión de literatura para material, métodos y resultados. *Amalia Maydana Marca*, análisis estadísticos, revisión de literatura para resultados y discusión.

Literatura citada

1. Foolad MR. Genome mapping and molecular breeding of tomato. Int J Plant Genomics 2007 ;2007:64358. DOI: https://doi.org/10.1155/2007/64358
2. Mustafa M, Syukur M, Sutjahjo SH, Sobir. Inheritance of radial fruit cracking resistance in tomatoes (*Solanum lycopersicum* L.). Asian J Agric Res 2017;11(1):10-7. DOI: https://doi.org/10.3923/ajar.2017.10.17
3. Giovannucci E, Rimm EB, Liu Y, Stampfer MJ, Willett WC. A prospective study of tomato products, lycopene, and prostate cancer risk. J Natl Cancer Inst 2002;94(5):391-8. DOI: https://doi.org/10.1093/jnci/94.5.391
4. Bergougnoux V. The history of tomato: from domestication to biopharming. Biotechnol Adv 2014 ;32(1):170-89. DOI: https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2013.11.003
5. Schwarz D, Thompson AJ, Kläring HP. Guidelines to use tomato in experiments with a controlled environment. Front Plant Sci 2014;5:625. DOI: https://doi.org/10.3389/fpls.2014.00625
6. Patiño F, Cadima X, Condori B, Crespo M. Avances en la conservación de recursos genéticos de tomate en Bolivia. En: Fundación PROINPA, editores. Informe Compendio [Internet]. Cochabamba: Fundación PROINPA; 2015. p. 126-31. Recuperado a partir de: https://www.proinpa.org/publico/Informe_compendio_2011_2014/conservacion%20de%20RRGG%20de%20tomate.pdf
7. Peralta IE, Spooner DM, Knapp S. Taxonomy of wild tomatoes and their relatives (*Solanum* sect. *Lycopersicoides*, sect. Juglandifolia, and sect Lycopersicon; Solanaceae). Systematic Botany Monographs [Internet]. 2008[citado 5 de octubre de 2021];84:1-186. Recuperado a partir de: http://www.jstor.org/stable/25027972
8. Paran I, van der Knaap E. Genetic and molecular regulation of fruit and plant domestication traits in tomato and pepper. J Exp Bot 2007;58(14):3841-52. DOI: https://doi.org/10.1093/jxb/erm257
9. Darrigues A, Hall J, van der Knaap E, Francis DM, Dujmovic N, Gray S. Tomato analyzer-color test: a new tool for efficient digital phenotyping. J Amer Soc Hortic Sci 2008;133(4):579-86. DOI: https://doi.org/10.21273/JASHS.133.4.579

10. Hurtado M, Vilanova S, Plazas M, Gramazio P, Andújar I, Herraiz FJ, et al. Enhancing conservation and use of local vegetable landraces: the Almagro eggplant (*Solanum melongena* L.) case study. Genet Resour Crop Evol 2014;61(4):787-95. DOI: https://doi.org/10.1007/s10722-010073-2
11. Scott JW. Phenotyping of Tomato for SolCAP and Onward into the void. HortScience. septiembre de 2010;45(9):1314-6. DOI: https://doi.org/10.21273/HORTSCI.1314
12. Rodríguez GR, Muños S, Anderson C, Sim SC, Michel A, Causse M, et al. Distribution of SUN, OVALE, LC, and FAS in the tomato germplasm and the relationship to fruit shape diversity. Plant Physiol 2011;156(1):275-85. DOI: https://doi.org/10.1104/pp.110.167577
13. Panthee DR, Labate JA, McGrath MT, Breksa AP, Robertson LD. Genotype and environmental interaction for fruit quality traits in vintage tomato varieties. Euphytica 2013;193(2):169-82. DOI: https://doi.org/10. 1007/s10681-013-0895-1
14. Brewer MT, Lang L, Fujimura K, Dujmovic N, Gray S, van der Knaap E. Development of a controlled vocabulary and software application to analyze fruit shape variation in tomato and other plant species. Plant Physiol 2006;141(1):15-25. DOI: https://doi.org/10.1104/pp.106.077867
15. Gonzalo MJ, van der Knaap E. A comparative analysis into the genetic bases of morphology in tomato varieties exhibiting elongated fruit shape. Theor Appl Genet 2008;116(5):647-56. DOI: https://doi.org/10.1007/s00122-007-0698-7
16. Gonzalo MJ, Brewer MT, Anderson C, Sullivan D, Gray S, van der Knaap E. tomato fruit shape analysis using morphometric and morphology attributes implemented in tomato analyzer software program. J Amer Soc Hortic Sci 2009;134(1):77-87. DOI: https://doi.org/10.21273/JASHS.134.1.77
17. International Plant Genetic Resources Institute. descriptors for tomato (*Lycopersicon* spp.) [Internet]. Quito: International Plant Genetic Resources Institute; 1996 [citado 22 de octubre de 2021]. 47 p. Recuperado a partir de: https://www.bioversityinternational.org/fileadmin/_migrated/uploads/tx_news/Descriptors_for_tomato__Lycopersicon_spp.__286.pdf
18. International Union for the Protection of new varieties of plants. Thirtieth extraordinary session: 2013 [Internet]. Geneva: Union for the Protection of New Varieties of Plants: 2013 [citado 26 de octubre de 2021]. Report No.: C(Extr.)/30/8. Recuperado a partir de: https://www.upov.int/edocs/mdocs/upov/en/c_extr_30/c_extr_30_8.pdf
19. Rodríguez GR, Moyseenko JB, Robbins MD, Morejón NH, Francis DM, van der Knaap E. Tomato Analyzer: a useful software application to collect accurate and detailed morphological and colorimetric data from two-dimensional objects. J Vis Exp 2010;(37):1856. DOI: https://doi.org/10.3791/1856
20. van der Kanaap E. Tomato Analyzer [Internet]. van der Knaap Lab. 2005 [citado 3 de mayo de 2021]. Recuperado a partir de: https://vanderknaaplab.uga.edu/tomato_analyzer.html
21. Furbank RT, Tester M. Phenomics-technologies to relieve the phenotyping bottleneck. Trends Plant Sci 2011;16(12):635-44. DOI: https://doi.org/10.1016/j.tplants.2011.09.005
22. Mohan V, Gupta S, Thomas S, Mickey H, Charakana C, Chauhan VS, et al. Tomato fruits show wide phenomic diversity but fruit developmental genes show low genomic diversity. PLoS One

2016;11(4):e0152907. DOI: https://doi.org/10.1371/journal.pone.0152907

23. Figàs MR, Prohens J, Raigón MD, Fernández-de Córdova P, Fita A, Soler S. Characterization of a collection of local varieties of tomato (*Solanum Lycopersicum* L.) using conventional descriptors and the high-throughput phenomics tool Tomato Analyzer. Genet Resour Crop Evol 2015;62(2):189-204. DOI: https://doi.org/10.1007/s10722-014-0142-1
24. Mata-Nicolás E, Montero-Pau J, Gimeno-Paez E, Garcia-Carpintero V, Ziarsolo P, Menda N, et al. Exploiting the diversity of tomato: the development of a phenotypically and genetically detailed germplasm collection. Hortic Res 2020;7(1):66. DOI: https://doi.org/10.1038/s41438-020-0291-7
25. Bai Y, Lindhout P. Domestication and breeding of tomatoes: what have we gained and what can we gain in the future? Ann Bot 2007;100(5):1085-94. DOI: https://doi.org/10. 1093/aob/mcm150
26. Bauchet G, Causse M. Genetic diversity in tomato (*Solanum lycopersicum*) and Its wild relatives. In: Çalışkan M, editors. Genetic Diversity in Plants. Rijeka: InTech; 2012. p. 133-62. DOI: https://doi.org/10.5772/33073
27. Visa S, Cao C, Gardener BM, van der Knaap E. Modeling of tomato fruits into nine shape categories using elliptic fourier shape modeling and Bayesian classification of contour morphometric data. Euphytica 2014;200(3):429-39. DOI: https://doi.org/10.1007/s10681-014-1179-0
28. Henareh M, Dursun A, Mandoulakani BA. Genetic diversity in tomato landraces collected from Turkey and Iran revealed by morphological characters. Acta Sci Pol 2015;14(2):87-96.
29. Archak S, Tyagi RK, Harer PN, Mahase LB, Singh N, Dahiya OP, et al. Characterization of chickpea germplasm conserved in the Indian National Genebank and development of a core set using qualitative and quantitative trait data. Crop J 2016;4(5):417-24. DOI: https://doi.org/ 10.1016/j.cj.2016.06.013
30. Nankar AN, Todorova V, Tringovska I, Pasev G, Radeva-Ivanova V, Ivanova V, et al. A step towards Balkan *Capsicum annuum* L. core collection: Phenotypic and biochemical characterization of 180 accessions for agronomic, fruit quality, and virus resistance traits. PLoS One 2020;15 (8):e0237741. DOI: https://doi.org/10.1371/jounal.pone.0237741
31. Tripodi P, Greco B. Large scale phenotyping provides insight into the diversity of vegetative and reproductive organs in a wide collection of wild and domesticated peppers (*Capsicum* spp.). Plants (Basel) 2018;7(4):103. DOI: https://doi.org/10.3390/plants7040103

Nota del Editor:
***Journal of the Selva Andina Research Society (JSARS)* se mantiene neutral con respecto a los reclamos jurisdiccionales publicados en mapas y afiliaciones institucionales, y todas las afirmaciones expresadas en este artículo pertenecen únicamente a los autores, y no representan necesariamente las de sus organizaciones afiliadas, o las del editor, editores y revisores. Cualquier producto que pueda ser evaluado en este artículo o reclamo que pueda hacer su fabricante no está garantizado ni respaldado por el editor.**