

ROGÉRIO SEUS

**INTROGRESSÃO DE NANISMO EM GERMOPLASMA DE TOMATE  
INDUSTRIAL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

VIÇOSA  
MINAS GERAIS – BRASIL  
2015

Ficha catalográfica preparada pela Biblioteca Central da Universidade  
Federal de Viçosa - Câmpus Viçosa

T

S496i Seus, Rogério, 1982-  
2015 Introgessão de nanismo em germoplasma de tomate industrial / Rogério Seus. – Viçosa, MG, 2015.  
viii, 112f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Inclui anexos.

Orientador: Derly José Henriques da Silva.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f.92-109.

1. Tomate - Genética. 2. Tomate - Melhoramento genético.  
3. Germoplasma vegetal. 4. Tomate - Cultivo. 5. Tomate -  
Qualidade. 6. Produção. 7. Metabolismo. I. Universidade Federal  
de Viçosa. Departamento de Fitotecnia. Programa de  
Pós-graduação em Genética e Melhoramento. II. Título.

CDD 22. ed. 635.6422

ROGÉRIO SEUS

**INTROGRESSÃO DE NANISMO EM GERMOPLASMA DE TOMATE  
INDUSTRIAL**

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento, para obtenção do título de *Doctor Scientiae*.

APROVADA: 20 de maio de 2015.

---

Carlos Nick Gomes

---

Maria da Cruz Chaves Lima Moura

---

Adriano Nunes Nesi  
(Coorientador)

---

Pedro Crescêncio Souza Carneiro  
(Coorientador)

---

Derly José Henriques da Silva  
(Orientador)

*“Aos meus pais Edegar Seus e Ilma Neitzke Seus, irmãs Elaine e Liliane, sobrinhas, sogros e cunhados, e em especial a minha esposa Graciele Peglow Seus, sem eles não teria conseguido alcançar mais esta etapa da minha vida.”*

**DEDICO**

## AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pelas bênçãos que tem me dado e sempre guiar o meu caminho ao longo da vida.

Aos meus pais, Edemar Seus e Ilma Neitzke Seus pela educação, ensinamentos, dedicação, compreensão, amizade e incentivo para chegar onde estou. À minha família, Alencar, Daiane, Dóris, Elaine, Estela, Isabel, Júlia, Leovaldo, Liliane, Luciano, Marcos, Nelci e Ricardo, por sempre terem me apoiado em meus estudos e na vida. Em especial a minha esposa Graciele Peglow Seus que não mediu esforços para me ajudar a concluir mais esta etapa de minha vida, pelo carinho, amor, dedicação, companheirismo, paciência e compreensão, me ajudando e apoiando em todos os momentos.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização deste curso de doutorado e a estrutura oferecida. Ao corpo docente pela formação científica e profissional. À CAPES e CNPq pela concessão da bolsa de estudos.

Aos colegas e funcionários do laboratório de Manejo de Recursos Genéticos Vegetais, do laboratório de Metabolismo e Nutrição, do campo experimental Horta Velha e do grupo NEO por toda ajuda.

Aos companheiros de trabalho, Alcinei, Andressa, Diego, Elis, Germano, Guilherme, Júlia, Juliana, Luana, Rebeca e Vitor, pela amizade e companheirismo, dos quais a ajuda foi imprescindível para a condução do trabalho.

Ao meu orientador Prof. Derly José Henriques da Silva, pela orientação, ensinamentos, apoio, empenho, conhecimento transmitido, convivência e amizade.

Aos meus coorientadores, Prof. Adriano Nunes Nesi e Prof. Pedro Crescêncio Souza Carneiro, por todo empenho, conhecimento transmitido e amizade.

Aos professores Carlos Nick Gomes e Maria da Cruz Chaves Lima Moura por se disponibilizarem a ajudar e participar desta banca.

Enfim, a todos que de alguma maneira contribuíram para este trabalho e para minha formação pessoal e profissional, o meu muito obrigado.

## **BIOGRAFIA**

ROGÉRIO SEUS, filho de Edeimar Seus e Ilma Neitzke Seus, esposo de Graciele Peglow Seus, nasceu na cidade de Pelotas, Estado do Rio Grande do Sul, no dia 24 de dezembro de 1982. Em março de 2004 iniciou o curso de Agronomia da Faculdade de Agronomia Eliseu Maciel (FAEM) na Universidade Federal de Pelotas (UFPel), Pelotas-RS, concluído em fevereiro de 2009. Em março de 2009 iniciou o curso de mestrado do Programa de Pós-Graduação em Ciência e Tecnologia de Sementes na FAEM/UFPel, concluído em fevereiro de 2011. Em março de 2011 ingressou no curso de doutorado do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento na Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa-MG, submetendo-se a defesa de tese em 20 de maio de 2015.

## SUMÁRIO

|   |      |
|---|------|
| Resumo .....  | vii  |
| Abstract .....  | viii |
| Introdução Geral .....  | 1    |
| CAPÍTULO I .....  | 8    |
| CARACTERIZAÇÕES METABÓLICA E BIOQUÍMICA DE ACESSOS DE TOMATE DE FENÓTIPO ANÃO .....   | 8    |
| Resumo .....  | 9    |
| Abstract .....  | 10   |
| Introdução .....  | 11   |
| Material e Métodos .....  | 13   |
| Resultados .....  | 17   |
| Discussão .....   | 28   |
| Conclusão .....   | 33   |
| CAPÍTULO II .....   | 35   |
| SELEÇÃO DE PROGENITORES VISANDO A INTROGRESSÃO DE GENE DE NANISMO EM GERMOPLASMA DE TOMATE INDUSTRIAL COM BASE EM CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS ..... | 35   |
| Resumo .....  | 36   |
| Abstract .....  | 37   |
| Introdução .....  | 38   |
| Material e Métodos .....  | 39   |
| Resultados .....  | 41   |
| Discussão .....   | 49   |
| Conclusão .....   | 54   |
| CAPÍTULO III .....  | 55   |
| SELEÇÃO DE PROGENITORES VISANDO A INTROGRESSÃO DE GENE DE NANISMO EM GERMOPLASMA DE TOMATE INDUSTRIAL COM BASE NA QUALIDADE DOS FRUTOS .....        | 55   |
| Resumo .....  | 56   |
| Abstract .....  | 57   |
| Introdução .....  | 58   |
| Material e Métodos .....  | 59   |

|  |     |
|--|-----|
| Resultados .....   | 61  |
| Discussão .....  | 67  |
| Conclusão .....  | 71  |
| CAPÍTULO IV .....  | 72  |
| EFICÁCIA DA ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA NO PRÉ-<br>MELHORAMENTO DE TOMATE INDUSTRIAL ..... | 72  |
| Resumo .....   | 73  |
| Abstract .....   | 74  |
| Introdução .....   | 75  |
| Material e Métodos .....   | 76  |
| Resultados .....   | 79  |
| Discussão .....  | 86  |
| Conclusão .....  | 90  |
| Conclusões Gerais .....  | 91  |
| Referencias .....  | 92  |
| Anexo .....  | 110 |



## RESUMO

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2015. **Introgessão de nanismo em germoplasma de tomate industrial**. Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

O setor de tomate industrial se desenvolveu muito nos últimos anos, principalmente por causa da mecanização no campo de produção. Entretanto, podem ocorrer danos na colhedora e perda de qualidade do fruto porque a planta se desenvolve prostrada e o fruto sobre o solo. O objetivo foi caracterizar metabólica e bioquimicamente e, selecionar progenitores de tomate quanto a características agronômicas e de qualidade dos frutos para introgredir o gene de nanismo em germoplasma de tomate industrial, visando obter plantas de tomateiro com porte reduzido e frutos com alta qualidade industrial. Foram realizados dois experimentos, o primeiro em casa de vegetação para caracterizações metabólica e bioquímica e o segundo em campo para avaliação da capacidade combinatória e divergência genética. Para isso, foram utilizados quatro acessos de tomate de fenótipo anão e oito híbridos comerciais de tomate industrial. Observou-se nos resultados que plantas de fenótipo anão possuem menor crescimento, bem como, padrões de crescimento, alocação de biomassa, parâmetros fisiológicos e bioquímicos diferenciados, apesar de possuírem capacidade de assimilação de carbono parecida com as plantas de fenótipo normal. BGH-2006 é o acesso mais promissor para ser utilizado em programas de melhoramento para obter ganhos com características agronômicas e de qualidade do fruto, mas, maiores ganhos de redução do porte podem ser obtidos com o acesso BGH-2086. Contudo, é importante destacar que acessos devem ser utilizados basicamente para obter ganhos com porte da planta, sendo necessária a fixação de alelos para qualidade dos frutos a partir de germoplasma comercial. Por fim, a divergência genética pode ser utilizada na seleção de progenitores, tomando a estimativa da distância genética média como método eficaz na seleção dos melhores progenitores por possuir relação com a capacidade combinatória, podendo ser utilizada na redução de grande número de progenitores.

## ABSTRACT

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2015. **Introgression of dwarfism in processing tomato germplasm.** Adviser: Derly José Henriques da Silva. Co-advisers: Adriano Nunes Nesi and Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The processing tomato sector has grown in recent years, mainly because of mechanization in the production field. However, they can damage the harvester and loss of quality fruit because the plant develops prostrate and the fruit on the soil. The objective was to characterize metabolic and biochemical and, select tomato parents as the agronomic characteristics and fruit quality for introgress dwarfism gene in processing tomato germplasm in order to obtain tomato plants with reduced size and fruit with high industrial quality. Two experiments were conducted, the first in a greenhouse for metabolic and biochemical characterizations and the second in the field to test the combining ability and genetic divergence. For this, we used four dwarf phenotype tomato access and eight commercial hybrids of processing tomato. It was observed that the results dwarf phenotype plants have less growth, as well as patterns of growth, biomass allocation, different biochemical and physiological parameters, although they have similar carbon assimilation capacity with normal plant phenotype. BGH-2006 is the most promising access to be used in breeding programs for gains on agronomic characteristics and fruit quality, but greater size reduction gains can be achieved with BGH-2086 access. However, it is important to note that access should be used primarily for possession with gains of plant, requiring the establishment of alleles for fruit quality from commercial germplasm. Finally, the genetic divergence can be used in parental selection, taking an estimated average genetic distance as an effective method in the best parental selection for having relation with the combining ability and can be used in reducing the large number of parents.

## INTRODUÇÃO GERAL

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma planta herbácea pertencente à família Solanaceae, originária da América do Sul, mais precisamente na Cordilheira dos Andes, entre o Equador e o Chile, tendo este como seu principal centro de diversidade, mas o México também é considerado como outro possível centro de diversidade (Clemente e Boiteux, 2012).

O tomate é considerado uma das espécies olerícolas mais importantes, pois além de seu uso *in natura* também pode ser utilizado no processamento industrial. O processamento do tomate e a comercialização podem ser de diversas formas, como extrato, polpa, molho e tomate pelado. A comercialização do tomate na forma de processado aumenta a vida de prateleira e facilita a logística do produto, garantindo que o produto chegue ao consumidor com a qualidade mantida.

Quando a produção de tomate é destinada ao processamento industrial, o maior produtor mundial são os Estados Unidos, destacando-se o estado da Califórnia com produção de 12,7 milhões de toneladas, responsável por um terço da produção mundial. O Brasil ocupa a sétima posição no ranking dos maiores produtores de tomate industrial, com produção de 1,4 milhões de toneladas, atrás de países como Estados Unidos, China, Itália, Espanha, Irã e Turquia. O Brasil ocupou a quinta posição em decorrência do recorde na sua produção e queda da produção da Turquia e Irã no ano de 2010 (WPTC, 2014).

A Califórnia se destaca pela alta produtividade (104 ton ha<sup>-1</sup>) além do alto teor de sólidos solúveis totais (SST) (5,3° Brix), fator de fundamental importância para o rendimento do tomate na indústria. O aumento de um grau Brix na matéria-prima há um incremento de 20% no rendimento industrial, portanto, fazendo da Califórnia uma forte concorrente da produção de pasta de tomate. O Chile também se destaca pela alta produtividade (97 ton ha<sup>-1</sup>) e alto teor de SST (5,0° Brix). O Brasil possui produtividade comparável aos grandes produtores de tomate para processamento (80 ton ha<sup>-1</sup>), no entanto, o teor de SST do tomate brasileiro é de 4,5° Brix, abaixo de países como China (4,7° Brix), Itália e Espanha (4,8° Brix) (Rangel, 2011).

No Brasil, a produção de tomate industrial se concentra no cerrado dos estados de Goiás e Minas Gerais, no estado de São Paulo e uma pequena área no

estado de Pernambuco. Somente o Estado de Goiás é responsável por 80% da produção nacional (Melo, 2012).

A produtividade brasileira cresceu nos últimos anos, passando de 35 ton ha<sup>-1</sup> em 1990 para 67 ton ha<sup>-1</sup> em 2012, chegando a 85 ton ha<sup>-1</sup> em 2010 (Melo, 2012). Mesmo com o incremento na produção de tomate industrial, a produção brasileira não atende o consumo interno, tendo que importar pasta de tomate de outros países como Itália e Estados Unidos, principalmente do Chile e China (FAOSTAT, 2013).

A substituição das variedades de tomate por híbridos, a produção em regiões favoráveis para o cultivo e, principalmente, a implantação da mecanização nos campos de produção, foram os fatores que contribuíram para a expansão do setor de tomate industrial. Com a colheita mecânica foi possível contornar a escassez de mão de obra na colheita, a disseminação de doenças pelo fluxo de pessoas no campo e possibilitou a programação da colheita (Clemente e Boiteux, 2012).

O sistema de cultivo utilizado nos campos de produção de tomate industrial não utiliza tutoramento. Como as cultivares de tomate são de porte prostrado, grande parte do ciclo a planta se desenvolve sobre o solo. No início do crescimento a planta permanece ereta, mas à medida que a planta cresce o seu próprio peso faz com que ela tombe e permaneça o restante do ciclo sobre o solo. Isto faz com que haja necessidade da plataforma de corte da colhedora passar próximo à superfície do solo possibilitando a entrada de torrões de terra no equipamento, fator que causa desgaste do mesmo.

O fato da planta de tomate industrial se desenvolver prostradas pode acarretar em redução da produtividade e qualidade dos frutos. Danos ao fruto que estão em contato com solos com alta umidade são causados principalmente por fungos como *Rhizoctonia solani*, *Sclerotium rolfsii* e *Sclerotinia sclerotiorum*. Uma das alternativas para reduzir prejuízos é evitar solos com excesso de água, densidade de plantas menor e cultivares com porte ereto (Clemente e Boiteux, 2012).

O nanismo é uma estratégia utilizada pelos melhoristas para adequar diversas culturas a um determinado sistema de cultivo, aumentar a produtividade ou simplesmente possibilitar o incremento de tecnologias (ex. fertilizantes nitrogenados). O desenvolvimento de cultivares de tomate industrial de fenótipo anão pode favorecer que a planta permaneça ereta fazendo com que os frutos não fiquem em contato com o solo, deste modo garantindo a qualidade dos frutos e a facilidade na colheita. Mesmo que ocorra a redução na produção por planta, o porte reduzido da

planta possibilita o aumento do número de plantas por área, consequentemente aumento na produção por área.

O exemplo mais conhecido de utilização desta estratégia foi a incorporação de genes causadores de nanismo em plantas de trigo na década de 80 (Hedden, 2003). Isto possibilitou maior aplicação de fertilizantes para incremento na produtividade sem causar acamamento das plantas, melhorando inclusive a qualidade do grão, ocasionando uma revolução na agricultura. Outras culturas também se beneficiaram em termos agronômicos com a redução do porte, como milho (Argenta et al., 2001), cevada (Bierbiger, 1968) e arroz (Rutger et al., 1976).

Em tomateiro são conhecidos 19 genes que determinam o fenótipo anão. Os fenótipos anões provocam principalmente o encurtamento do entrenó, mas também pode alterar a morfologia da planta. As variações morfológicas causadas pelos diferentes genes estão associadas a diferenças no número de ramificações, na coloração, tamanho e rugosidade das folhas e no controle genético do nanismo, que geralmente é recessiva, mas em alguns casos pode ocorrer interação gênica do tipo dominância parcial (TGRC, 2015). Apesar de ainda não se conhecer o mecanismo genético e fisiológico de alguns destes genes, a causa da diferença entre plantas de fenótipo anão e normal está relacionada à regulação da síntese de hormônios endógenos. Esta pode ser detectada pelas diferenças hormonais endógenas, ou ainda, pela alteração provocada pela aplicação exógena de hormônios (Xu et al., 2015).

Giberelina é um fitohormônio mediador de diversos processos de desenvolvimento em plantas, incluindo alongamento do caule e das folhas e no desenvolvimento de pólen, flores e sementes (Cheng et al., 2004; Jasinski et al., 2008). Mutações em genes associados com a biossíntese de giberelina ou vias de sinalização geram mutantes anões (Harberd et al., 2009; Muangprom et al., 2005). Os mutantes *gibberellin deficient-1* (*gib-1*), *gibberellin deficient-2* (*gib-2*) e *gibberellin deficient-3* (*gib-3*) codificam baixas quantidades de giberelina, o que causa redução no crescimento da planta e na germinação de sementes, assim como, folhas verde escuras, grossas e encarquilhadas (Zeevaart, 1986).

A aplicação de ácido giberélico é utilizada para verificar a deficiência na biossíntese de giberelina, pois restaura o fenótipo normal. Também é indicada para promover a germinação normal, para isso as sementes devem ser umedecidas com ácido giberélico e o residual produzirá folhas lisas e talvez também seja o suficiente para garantir a floração (Bensen e Zeevaart, 1990). Contudo, ao aplicar ácido

giberélico em alguns genótipos anões, o fenótipo normal não é restaurado (Nadzhimov et al., 1988; Plummer e Tomes, 1958; Soost, 1959), isto indica que os genótipos podem não ser mutantes da biossíntese de giberelina (Bishop et al., 1996).

Brassinosteróides é um grupo de fitohormônios que regulam a expressão de genes e o crescimento e desenvolvimento das plantas (Fujioka e Yokota, 2003). A biossíntese de brassinosteróides é essencial em quase todas as fases de desenvolvimento da planta. Podem ser observados vários defeitos de desenvolvimento em mutantes com deficiência na biossíntese ou sinalização de brassinosteróides, tais como nanismo, germinação das sementes reduzida, fotomorfogênese no escuro, distribuição alterada de estômatos, atraso na floração e esterilidade masculina (Zhu et al., 2013).

Três genes que pertencem ao grupo dos brassinosteróides estão envolvidos com o fenótipo anão em tomateiro, *dwarf* (*d*), *curl-3* (*cu-3*) e *dumpy* (*dpy*). Somente no gene *d* foram identificados 12 alelos diferentes (Sol Genomics Network, 2015), o que resulta em variabilidade na intensidade da expressão do nanismo (Rick e Butler, 1956).

O gene *d* codifica uma enzima citocromo P450 denominada CYP85A1 que catalisa a oxidação no carbono 6 do precursor 6-deoxocasterona (inativo) para castasterona (Bishop et al., 1999; Fujioka e Yokota, 2003; Zhao e Li, 2012), principal brassinosteróide para o crescimento e desenvolvimento da parte aérea e da raiz em tomateiro (Nomura et al., 2005). No entanto, a mutação *d<sup>x</sup>* codifica uma enzima não funcional que diminui os níveis de brassinosteróides, reduzindo o tamanho da planta e expressando um fenótipo extremamente anão (Lisso et al., 2006; Ohnishi et al., 2006).

O gene *d* é expresso em raízes, parte aérea e frutos (Montoya et al., 2005). No entanto, nos frutos foram identificadas reações de oxidação de 6-deoxocasterona para brassinolide (brassinosteróide mais bioativo) catalisadas pela expressão do gene CYP85A3, tanto em plantas silvestres como mutantes *d<sup>x</sup>*, resultando em frutos de tamanho normal. Isto demonstra que os genes CYP85A1 e CYP85A3 possuem padrões de regulação distintos (Bishop et al., 1999; Lisso et al., 2006; Nomura et al., 2005).

Assim como *d*, o mutante *dumpy* (*dpy*) possui deficiência na biossíntese de brassinosteróides. O mutante *dpy* afeta a conversão de 6-deoxocasterone para 6-deoxoteasterone, suportado pela alta concentração dos níveis endógenos de 6-

deoxocathasterone e uma diminuição dos níveis de 6-deoxoteasterone no mutante em comparação com o tipo silvestre. O que causa estatura baixa das plantas, número de ramificações reduzido e morfologia da folha alterada. (Koka et al., 2000).

No que concerne ao gene *cu-3*, observações fenotípicas e fisiológicas indicam que *cu-3* possivelmente seja homólogo ao gene *BRI1* de *Arabidopsis thaliana* (Koka et al., 2000). Ainda, *BRI1* codifica um receptor quinase rico em repetições de Leucina que possivelmente esteja envolvido na transdução de sinal de brassinosteróides (Li e Chory, 1997). Portanto, sugere-se que mutantes *cu-3* são insensíveis à brassinosteróides, não sendo possível resgatar o fenótipo normal com a aplicação exógena do hormônio (Koka et al., 2000). O mutante *cu-3* exibe nanismo extremo, a morfologia da folha é alterada, as folhas são extremamente verde escuras, onduladas e não passam de 2,5 cm, há redução da fertilidade e atraso no desenvolvimento da planta (Yu, 1982).

Plantas braquíticas são definidas como aquelas que exibem fenótipo anão caracterizado pela redução apenas dos entrenós (Kilen, 1977), condicionado por um gene de efeito recessivo, que em homozigose condiciona a presença de um tipo diferente de giberelina, menos ativo na promoção do crescimento (Galston e Davies, 1972). O gene *brachytic (br)* causa encurtamento dos entrenós, o que resulta em baixa estatura e hábito de crescimento compacto, metade da altura de plantas normais, diferindo do mutante *d* por ter cor da folhagem normal e folha compacta e normal ao invés de sésil e encarquilhada (TGRC, 2015).

Nota-se que grande parte dos genes que conferem nanismo em tomateiro reduz todas as partes da planta, alterando a morfologia das folhas e reduzindo inclusive os frutos. Estas alterações são interessantes para trabalhos que envolvam transformação genética e estudo de rotas metabólicas, devido à facilidade na condução da planta, porte baixo e ciclo curto (Emmanuel e Levy, 2002; Mamidala e Nanna, 2009; Matsukura et al., 2008; Sun et al., 2006), ou para desenvolvimento de cultivares ornamentais (Lima et al., 2004; Martí et al., 2006). Entretanto, grandes alterações na morfologia da planta, principalmente no tamanho do fruto, não são desejáveis quando o objetivo é o desenvolvimento de variedades comerciais de tomateiro.

O ideótipo de uma cultivar de tomate para processamento industrial de fenótipo anão compreende de uma planta compacta que possibilita o adensamento das plantas no campo, que se mantenha ereta e com alta produção por unidade de

área. Para isso a planta deve possuir estatura baixa, porte ereto, com reduzida distância entrenós da haste principal e das ramificações. Para promover a redução da copa da planta, é necessário tamanho de folha reduzida pela redução do comprimento do pecíolo, sem alterar demasiadamente a morfologia da folha, e ainda reduzir o número de ramificações. O número de frutos não deve ser demasiadamente elevado, de modo que a planta suporte o peso dos frutos sem tombar, e por se objetivar de uma produção comercial, os frutos devem possuir tamanho normal compatíveis com a exigência do mercado.

No Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) há cerca de 850 acessos de tomate depositados. Dentre esses, há acessos de tomate de fenótipo anão com reduzida distância entrenós, porte ereto, morfologia compacta e frutos de tamanho normal. Estudo sobre o controle genético do porte da planta no acesso BGH-1989 verificou que a herança da característica é determinada por um gene, sendo o fenótipo anão recessivo (Marim, 2011). Apesar disso, pouco se sabe sobre as características agronômicas dos acessos de tomateiro de fenótipo anão do BGH-UFV.

Visto que o mutante *br* provoca apenas o encurtamento dos entrenós da haste e dos ramos, redução do comprimento dos pecíolos sem alterar a morfologia da folha e não altera o tamanho dos frutos (TGRC, 2015), acredita-se que o fenótipo anão dos acessos do BGH-UFV estudados neste trabalho são expressos pelo gene *br*.

Um estudo comparando uma linhagem anã e uma cultivar de porte normal em diferentes espaçamentos quanto à produção e lucratividade, os autores observaram que sob alta densidade de plantas a linhagem anã foi mais produtiva e sob espaçamento tradicional a cultivar de porte normal foi mais produtiva. Portanto, os autores verificaram que é possível obter resultados parecidos entre plantio adensado da linhagem anã e plantio tradicional da cultivar de porte normal (Kemble et al., 1994).

O uso do gene de nanismo e a seleção de plantas com fenótipo anão associado a características agronômicas e de qualidade desejável de frutos para tomate industrial pode contribuir expressivamente no manejo cultural, colheita mecanizada e possivelmente na produtividade do tomateiro industrial.

Tendo em vista o exposto acima, o objetivo é caracterizar metabólica e bioquimicamente e, selecionar acessos de tomate com fenótipo anão quanto a características agronômicas e de qualidade dos frutos para introgridir o gene de



nanismo em germoplasma de tomate para processamento industrial, visando obter plantas de tomateiro com porte reduzido e frutos de alta qualidade industrial.

## **CAPÍTULO I**

### **CARACTERIZAÇÕES METABÓLICA E BIOQUÍMICA DE ACESSOS DE TOMATE DE FENÓTIPO ANÃO**

## RESUMO

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2015. **Caracterizações metabólica e bioquímica de acessos de tomate de fenótipo anão.** Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

Genes de nanismo modulam a arquitetura da planta modificando a alocação de assimilados. Comparando plantas de fenótipo normal e anão, observa-se alteração no tamanho da planta sem necessariamente alterar a produção, com isso, possivelmente parâmetros metabólicos e fisiológicos serão alterados. O objetivo com este estudo foi identificar parâmetros metabólicos e fisiológicos determinantes do crescimento e da produção de tomateiro de fenótipo anão. Para isto foram utilizados quatro acessos de tomate de fenótipo anão e duas testemunhas de fenótipo normal (hábito de crescimento determinado e indeterminado). Foram determinados parâmetros de crescimento, trocas gasosas, fluorescência da clorofila *a*, compostos bioquímicos, produção, características morfológicas e de qualidade dos frutos. Em geral, foi observado que os acessos possuem capacidade fotossintética parecida com as testemunhas, mas por terem o crescimento da parte aérea suprimida pelo gene de nanismo e possivelmente diferentes hormônios regulando o crescimento da parte aérea e das raízes, os acessos BGH-2077 e BGH-2086 alocam biomassa nas raízes mais do que plantas de fenótipo normal em fases iniciais de crescimento. Com relação ao crescimento da planta e a alocação de biomassa, o teor de amido contribui para a regulação nos níveis de carbono na planta, entretanto, não é possível associar o seu conteúdo com a sinalização para a expressão do fenótipo anão. Já o comportamento dos teores de glicose e a frutose são mais plausíveis com a regulação da expressão do fenótipo anão. O fumarato também está associado ao crescimento de plantas de fenótipo anão, mas responsável pelo crescimento mais lento da planta nos primeiros horários do dia.

**Palavras-chave:** produção; alocação de biomassa; nanismo; crescimento.

## ABSTRACT

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2015. **Metabolic and biochemical characterizations of dwarf tomato access.** Adviser: Derly José Henriques da Silva. Co-advisers: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

Dwarfing genes modulate plant architecture modifying the allocation assimilated. Comparing normal and dwarf phenotype plant, change is observed in the size of the plant without changing the production, thereby possibly metabolic and physiological parameters will be changed. The objective with this study was to identify metabolic and physiological determinants of growth and tomato production dwarf phenotype. For this we used four dwarf phenotype of tomato access and two normal phenotype controls (determinate and indeterminate growth habit). They were certain growth parameters, gas exchange, chlorophyll *a* fluorescence, biochemicals, production, morphological and fruit quality characteristics. In general, it was observed that the accesses have photosynthetic capacity similar to the controls, but to have the shoot growth suppressed by dwarfism gene and possibly different hormones regulate the growth of shoots and roots, the BGH-2077 and BGH-2086 access allocate biomass more on roots than the normal phenotype in the early stages of plant growth. With respect to plant growth and biomass allocation, the starch content contributes to the regulation on carbon levels in the plant, however, can not associate your content with the signs for the expression of dwarf phenotype. But the behavior of the levels of glucose and fructose is more plausible to the regulation of dwarf phenotype expression. The fumarate is also associated with the growth of plant dwarf phenotype, but responsible for the slower growth of the plant in the early hours of the day.

**Keywords:** production; biomass allocation; dwarfism; growth.

## INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) pertence à família Solanaceae, é herbácea, com haste flexível e incapaz de suportar o peso dos frutos para manter-se na posição ereta, no entanto, existem tomateiros de fenótipo anão que possibilitam a permanência da planta ereta por mais tempo. É considerada uma das espécies olerícolas mais importantes do mundo, com produção de 164 milhões de toneladas, perdendo apenas para a cultura da batata (FAOSTAT, 2013). Além de seu uso *in natura* também pode ser utilizado no processamento industrial, este com produção mundial de 39,9 milhões de toneladas (WTPC, 2015).

A produção e o crescimento da planta são dependentes do carbono assimilado pela fotossíntese e da incorporação de nutrientes inorgânicos (Cross et al., 2006), modelada pela variação genética (Flood et al., 2011). Apesar de o melhoramento genético ter elevado a níveis ideais a arquitetura da planta de espécies cultivadas (Long et al., 2006; Parry et al., 2010), genes ligados à fotossíntese e distribuição de fotoassimilados são manipulados para obter produtividades ainda maiores (Alonso-Blanco et al., 2009).

Uma forma de modificar a produtividade pela arquitetura da planta é alterar a relação entre dos órgãos vegetativos e reprodutivos e também o crescimento. O hábito de crescimento determinado é consequência de uma mutação recessiva do gene *self pruning* (*SP*) (McGarry e Ayre, 2012) que interrompe a regularidade do ciclo reprodutivo e vegetativo até que o meristema apical termine com duas inflorescências (Pnueli et al., 1998). Já o gene *single flower truss* (*SFT*) codifica a enzima promotora do hormônio *florigen* que controla e desencadeia a floração nas plantas (Lifschitz et al., 2006). Plantas heterozigotas para *SFT* possuem maior número de inflorescências e folhas, que de forma equilibrada promove o aumento do rendimento (Krieger et al., 2010). Por serem antagonísticos, a manipulação genética dos genes *SP* e *SFT* modifica o equilíbrio entre os hormônios (Lifschitz et al., 2014; Jiang et al., 2013; Shalit et al., 2009), otimizando o rendimento de tomate pela manipulação da arquitetura da planta e do florescimento (Park et al., 2014).

Outra forma de manipular a arquitetura da planta é a obtenção de plantas de fenótipo anão. O nanismo está atribuído à fitohormônios que controlam o crescimento da planta, causando mutações em vias de sinalização e biossíntese de giberelina (Cheng et al., 2004; Jasinski et al., 2008) e brassinosteróides (Zhu et al.,

2013). Genes de nanismo foram utilizados para modificar a arquitetura da planta e assim obter ganhos de rendimentos em cereais pelo aumento do índice de colheita (Hedden, 2003). Exemplo da alteração ocasionado pelo nanismo com relação à arquitetura das plantas é o milho braquítico mais tolerante à seca por causa do maior desenvolvimento do sistema radicular (Tregubenko e Nepomnjascij, 1969) e a maior eficiência na translocação de produtos dentro da planta devido a menor distância entrenós (Poey, 1973).

Tão importante quanto assimilar carbono para promover o crescimento da planta é alocar os fotoassimilados no órgão de importância econômica. As vias de transdução de sinal que determinam a alocação de biomassa são diversas e complexas, e os mecanismos fisiológicos que controlam a partição de biomassa são difundidos e compartilhados por vários processos em diferentes locais (Farrar e Jones, 2000; Yang e Midmore, 2009). Parte do carbono assimilado é acumulado na forma de amido durante o dia e remobilizado a noite (Gibon et al., 2004), o que resulta em correlação negativa entre taxa de degradação de amido e a taxa de crescimento (Gibon et al., 2009; Sulpice et al., 2009). Entretanto, o crescimento não está apenas relacionado com os níveis absolutos de amido, açúcares e aminoácidos, mas com o fluxo dos fotoassimilados, indicado pela capacidade enzimática na utilização desses recursos (Cross et al., 2006). A utilização das reservas de carbono para maximizar o crescimento e a forma com que cada genótipo mobiliza o carbono para o crescimento da planta dependerá da rapidez com que esses recursos serão utilizados (Sulpice et al., 2009).

Acessos de fenótipo anão utilizados neste estudo quando comparados a plantas de fenótipo normal, reduzem substancialmente o tamanho da planta sem reduzir demasiadamente a produção de frutos, conseqüentemente a distribuição da biomassa entre as diferentes partes da planta será diferenciada. Os frutos não reduzirão o tamanho proporcionalmente a planta, provavelmente seja um dos fatores que influenciam o rendimento pela alteração do potencial de dreno de fotoassimilados (Ho, 1996). Com isso, possivelmente os parâmetros metabólicos e fisiológicos serão alterados.

O objetivo com este estudo foi identificar parâmetros metabólicos e fisiológicos determinantes do crescimento e da produção de tomateiro de fenótipo anão.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Material Vegetal e Condições de Cultivo

Foram utilizados seis genótipos de tomateiro, o híbrido comercial N-901 (Nunhems<sup>®</sup>) para processamento industrial de hábito de crescimento determinado, a variedade comercial Santa Clara (Topseed<sup>®</sup>) do grupo Santa Cruz de crescimento indeterminado e quatro acessos BGH-1989, BGH-2006, BGH-2077 e BGH-2086 de crescimento compacto. Os acessos são do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH/UFV), oriundas da University of Purdue (West Lafayette/USA). O híbrido comercial e a variedade comercial foram utilizados como testemunhas.

As plantas de tomate foram cultivadas em casa de vegetação na Universidade Federal de Viçosa em Viçosa, Minas Gerais (20°45'14" latitude Sul, 42°52'53" longitude Oeste e 648 metros de altitude). Foi utilizada como substrato uma mistura de substrato comercial Tropstrato<sup>®</sup> e areia na proporção 2:1. Os genótipos foram semeados em bandeja de 72 células e transplantados para vasos no 21º dia após a emergência. As plantas foram tutoradas verticalmente com o uso de fitilho e não foram retirados os brotos e o meristema apical. Foram administradas água e fertilizantes de modo que a planta se desenvolvesse sem restrições.

Foram realizados dois experimentos simultâneos. O primeiro experimento foi realizado em vasos de cinco litros no período de abril a maio de 2014, onde foram determinados taxa de crescimento, parâmetros de trocas gasosas e de fluorescência e teor de compostos bioquímicos. O segundo experimento foi realizado em vasos de dez litros de abril a agosto de 2014, onde foi avaliada análise de taxa de crescimento, avaliação de características morfológicas e de qualidade dos frutos.

### Coleta do Material Vegetal

A coleta do material vegetal para determinação dos compostos bioquímicos foi realizada no 53º dia após o transplante nas plantas do primeiro experimento. Foram coletadas amostras de tecido vegetal na terceira folha totalmente expandida a partir do ápice, eliminando a nervura central, em intervalo máximo de 15 minutos entre a primeira e a última amostra. As amostras foram coletadas ao amanhecer, antes do nascer do sol, às 06h30min (identificado por 6h); no meio do período luminoso, às 12 horas (12h); ao anoitecer, no pôr do sol, às 17h30min (18h); no meio

do período escuro, à 0 hora (0h) e; ao amanhecer do dia seguinte, antes do nascer do sol, às 06h30min (6h.). As amostras foram imediatamente congeladas em nitrogênio líquido e armazenadas à -80°C.

Foram realizadas coletas dos frutos semanalmente para a determinação da produção, entre o 92° e 154° dia após a emergência. Destas coletas, foram retiradas três amostras para determinação de características morfológicas e de qualidade dos frutos, aos 105°, 126° e 147° dias após a emergência.

### **Análise de crescimento**

Foram avaliadas as alturas das plantas de dois em dois dias em um período de 24 dias para as plantas do experimento I. No experimento II as alturas foram avaliadas de dois em dois dias até atingir altura constante. A altura das plantas foi determinada quando a planta atingiu a máxima altura.

A taxa de crescimento absoluto (TCA) e a taxa de crescimento relativo (TCR) foram determinadas segundo os algoritmos  $TCA=(Alt2-Alt1)/(T2-T1)$  e  $TCR=(\ln Alt2 - \ln Alt1)/(T2 - T1)$ . Onde, Alt1 e Alt2 são as alturas da planta tomadas nos tempos T1 (21° dias após a emergência) e T2 (53° e 154° dias após a emergência) e, ln é o logaritmo neperiano (Evans, 1972; Hunt, 1982).

Em ambos os experimentos as raízes foram cuidadosamente retiradas do vaso e lavadas em água corrente para total retirada do substrato. No experimento I, no 53° dia após a emergência as plantas foram colhidas e separadas em raiz, haste e folhas e secas em estufa a 65°C até peso constante. Foram determinadas a matéria seca (MS) da raiz, haste e folha, também foram calculadas a matéria seca total, parte aérea e a razão entre raiz e parte aérea. No 154° dia após a emergência, igualmente ao experimento I, as plantas do experimento II foram colhidas e separadas e secas em suas diferentes partes, também se determinou a matéria seca do fruto, e calculou-se a matéria seca total, da parte aérea, razão entre raiz e parte aérea e razão entre fruto e parte aérea (folha + haste).

### **Determinação dos Parâmetros de Trocas Gasosas e Fluorescência**

Utilizou-se um analisador de gases por infravermelho em sistema aberto (IRGA – *Infrared Gas Analyzer*), dotado de uma câmara de área amostral de 6,25 cm<sup>2</sup>, modelo ADC BioScientific LCPro, para análise de parâmetro de trocas de



gases. Também se utilizou um analisador de rendimento de fotossíntese, modelo Walz Mini-Pam II, para parâmetros de fluorescência da clorofila *a*.

Com ambos os equipamentos foram realizadas avaliações diurnas e noturnas. As avaliações diurnas foram realizadas entre 8:00 e 12:00h e as avaliações noturnas entre 21:00 e 1:00h. Os parâmetros de trocas gasosas foram obtidos sob irradiância de 870  $\mu\text{mol}$  de fótons  $\text{m}^{-2} \text{s}^{-1}$  (exceto na avaliação noturna) e controle da temperatura da câmara do IRGA ( $27 \pm 1^\circ\text{C}$ ). As avaliações foram realizadas no penúltimo folíolo da terceira folha totalmente expandida a partir do ápice de plantas que ainda não haviam iniciado o período de floração.

Foram determinadas as estimativas diurnas de trocas gasosas, taxa de assimilação líquida de  $\text{CO}_2$  ( $A$ ), condutância estomática ( $g_s$ ), razão entre concentração interna de  $\text{CO}_2$  e concentração de  $\text{CO}_2$  de referência ( $C_i/C_{ref}$ ), taxa de transpiração ( $E$ ) e eficiência instantânea do uso da água ( $\text{EUA} = A/E$ ). No período noturno foi determinada a estimativa da taxa respiratória no escuro ( $R_d$ ).

Estimou-se a eficiência fotoquímica máxima do fotossistema II ( $F_v/F_m$ ), a eficiência de captura de energia de excitação pelos centros de reação abertos do fotossistema II ( $F_v'/F_m'$ ), o coeficiente de extinção fotoquímica ( $q_L$ ) e coeficiente de extinção não-fotoquímica (NPQ), conforme (DaMatta e Rena, 2002).

### **Determinação dos Compostos Bioquímicos**

Alíquotas de aproximadamente 30 mg de massa de folha fresca e macerada foram utilizadas para as análises bioquímicas. As amostras foram submetidas à extração etanólica em três etapas, 250ml de álcool etílico 98%, 150ml de álcool etílico 80% e 250ml de álcool etílico 50%, combinados posteriormente (Nunes-Nesi et al., 2007). Do extrato etanólico foram determinados os teores de clorofila *a* e clorofila *b* logo após a extração etanólica e posteriormente açúcares, malato, fumarato e aminoácidos totais. Proteínas totais e amido foram determinados a partir do precipitado. Todos compostos bioquímicos foram determinados em leitor de microplacas *OptiMax Tunable Microplate Reader*.

A determinação das clorofilas *a* e *b* foram realizadas por leituras nos comprimentos de onda 665 e 645 nm e aplicados os algoritmos  $\text{Chl } a = 5,21 \times \text{Abs}_{665} - 2,07 \times \text{Abs}_{645}$  e  $\text{Chl } b = 9,29 \times \text{Abs}_{645} - 2,74 \times \text{Abs}_{665}$  (Porra et al., 1989). O teor de clorofila total foi obtido pela soma das clorofilas *a* e *b*. Os teores de glicose, frutose e sacarose foram determinados em intervalos de leituras de 1 minuto no comprimento

de onda 340 nm, estimando-se a concentração dos açúcares pela seguinte equação:  $\mu\text{mol NADPH} = \Delta\text{OD}/(2,85 \times 6,22)$  (Fernie et al., 2001). Os conteúdos de malato e fumarato foram determinados no comprimento de onda 570 nm em intervalo de leituras de 1 minuto e determinação pelas curvas de calibração utilizando o ácido málico e fumárico como padrões (Nunes-Nesi et al., 2007). A quantificação do conteúdo de aminoácidos totais foi no comprimento de onda 570 nm e determinação pela curva de calibração utilizando leucina como padrão (Gibon et al., 2004).

O teor de proteínas solúveis totais foi determinado pelo comprimento de onda 595 nm, determinando-se a concentração pela curva de calibração utilizando a albumina sérica bovina (BSA) como padrão (Gibon et al., 2004). A concentração de amido foi determinada pelo comprimento de onda 340 nm, com intervalo entre leituras de 1 minuto, sendo o conteúdo de amido calculado com a mesma equação utilizada para determinação de açúcares (Fernie et al., 2001).

### **Determinação de Características Morfológicas e de Qualidade dos Frutos**

Primeiramente foram avaliadas as características morfológicas dos frutos, largura e comprimento do fruto (mm) com auxílio de um paquímetro digital, e peso médio do fruto (g) com auxílio de balança semi-analítica. Posteriormente, foram avaliadas as características de qualidade dos frutos. A firmeza do fruto (N), com penetrômetro digital *SoilControl* modelo *PDF-200*. Para cada amostra coletada, cinco frutos foram triturados em liquidificador para determinação da qualidade dos frutos. As características avaliadas foram: sólidos solúveis totais, SST (°Brix), com refratômetro portátil digital *Hanna* modelo *HI-96801*; pH, com pHmetro *Tecnopon* modelo *mPA-210*; e acidez titulável ( $\text{cmol L}^{-1}$ ) (Zenebon et al., 2008).

### **Delineamento Experimental e Análise dos Dados**

O delineamento experimental utilizado foi inteiramente casualizado com seis repetições. Os tratamentos consistiram de quatro acessos de tomate anão (BGH-1989; BGH-2006; BGH-2077 e BGH-2086) e duas testemunhas (N-901 e Santa Clara). Os dados foram submetidos à análise de variância e as médias foram comparadas pelo teste de médias de Dunnett e Tukey a 5% de probabilidade ( $p < 0,05$ ). As médias dos tratamentos foram comparadas com as duas testemunhas. Foi realizada análise de correlação de Pearson entre as variáveis avaliadas para construção do *Mapa de Calor*. As análises estatísticas foram realizadas com o

aplicativo computacional em genética e estatística Genes versão 2013.1.1 (Cruz, 2013).

## RESULTADOS

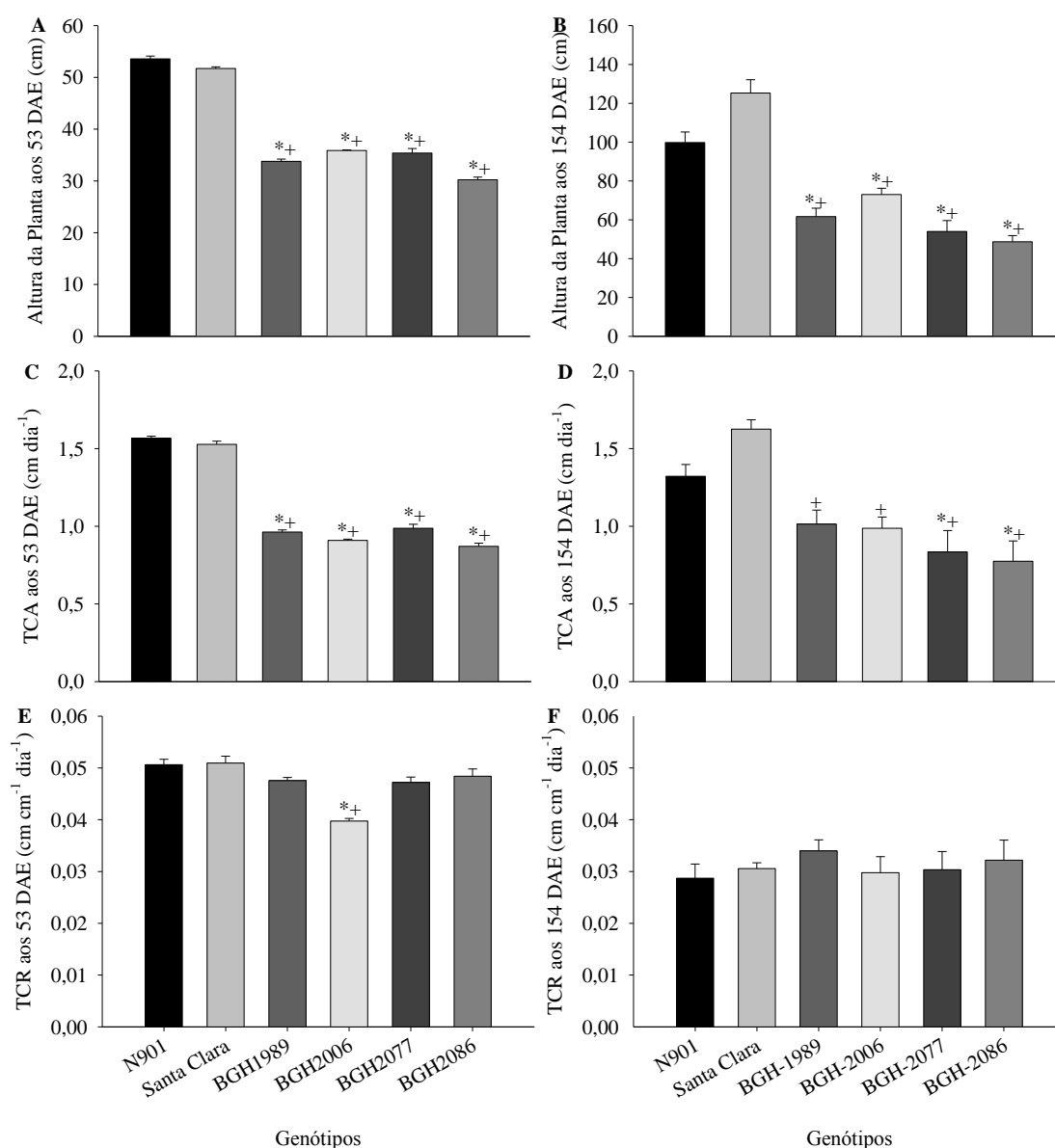
### **Análise de crescimento**

Com base nas análises biométricas, todos os acessos diferiram das testemunhas em relação à altura da planta aos 53 (Figura 1A) e 154 DAE (Figura 1B), assim como para a TCA aos 53 DAE (Figura 1C), de forma que os acessos obtiveram os menores valores absolutos nas três características. Em relação à TCA aos 154 DAE, todos os acessos diferiram da testemunha Santa Clara, sendo que todos obtiveram TCA inferior a esta testemunha, e apenas os acessos BGH-2077 e BGH-2086 diferiram com valores inferiores à testemunha N-901 (Figura 1D). Apenas o acesso BGH-2006 diferiu de ambas as testemunhas com valores inferiores de TCR até o 53° DAE (Figura 1E). Já em relação à TCR até o 154° DAE, todos os acessos não diferiram das testemunhas (Figura 1F).

A menor MS na folha dos acessos BGH-1989, BGH-2006 e BGH-2086 fez com que diferissem de ambas as testemunhas aos 53 DAE (Figura 2A) e apenas da testemunha Santa Clara aos 154 DAE (Figura 3A). O acesso BGH-2077 diferiu apenas da testemunha Santa Clara em ambos os períodos de avaliação (Figuras 2A e 3A).

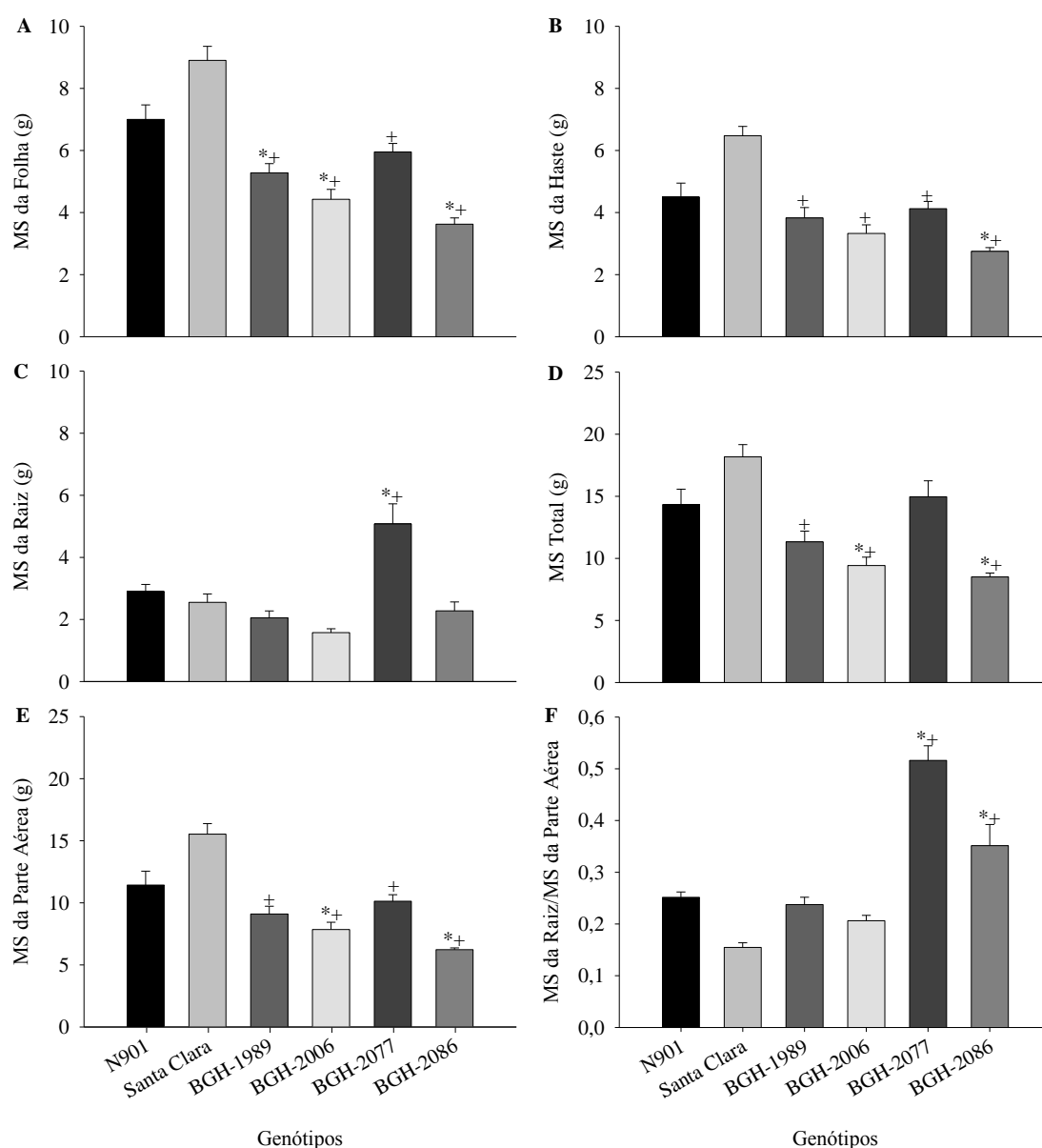
BGH-2077 foi o único acesso que diferiu das testemunhas para MS da raiz aos 53 DAE, obtendo média superior às testemunhas. O mesmo acesso também diferiu de ambas as testemunhas aos 154 DAE, porém com média inferior a elas (Figura 2C). Os demais acessos que não haviam diferido com relação à MS da raiz aos 53 DAE, na avaliação aos 154 DAE diferiram da testemunha Santa Clara e os acessos BGH-1989 e BGH-2006 ainda diferiram da testemunha N-901 (Figura 3C).

Com relação a MS total, os acessos BGH-2006 e BGH-2086 diferiram de ambas as testemunhas aos 53 DAE (Figura 2D) e apenas da testemunha Santa Clara aos 154 DAE (Figura 3E). Por outro lado, o acesso BGH-1989 que diferiu apenas da testemunha Santa Clara e BGH-2077 que não diferiu das testemunhas aos 53 DAE (Figura 2D), diferiram de ambas as testemunhas aos 154 DAE (Figura 3E). Os acessos quando diferiram das testemunhas sempre apresentaram MS total inferior à testemunha.



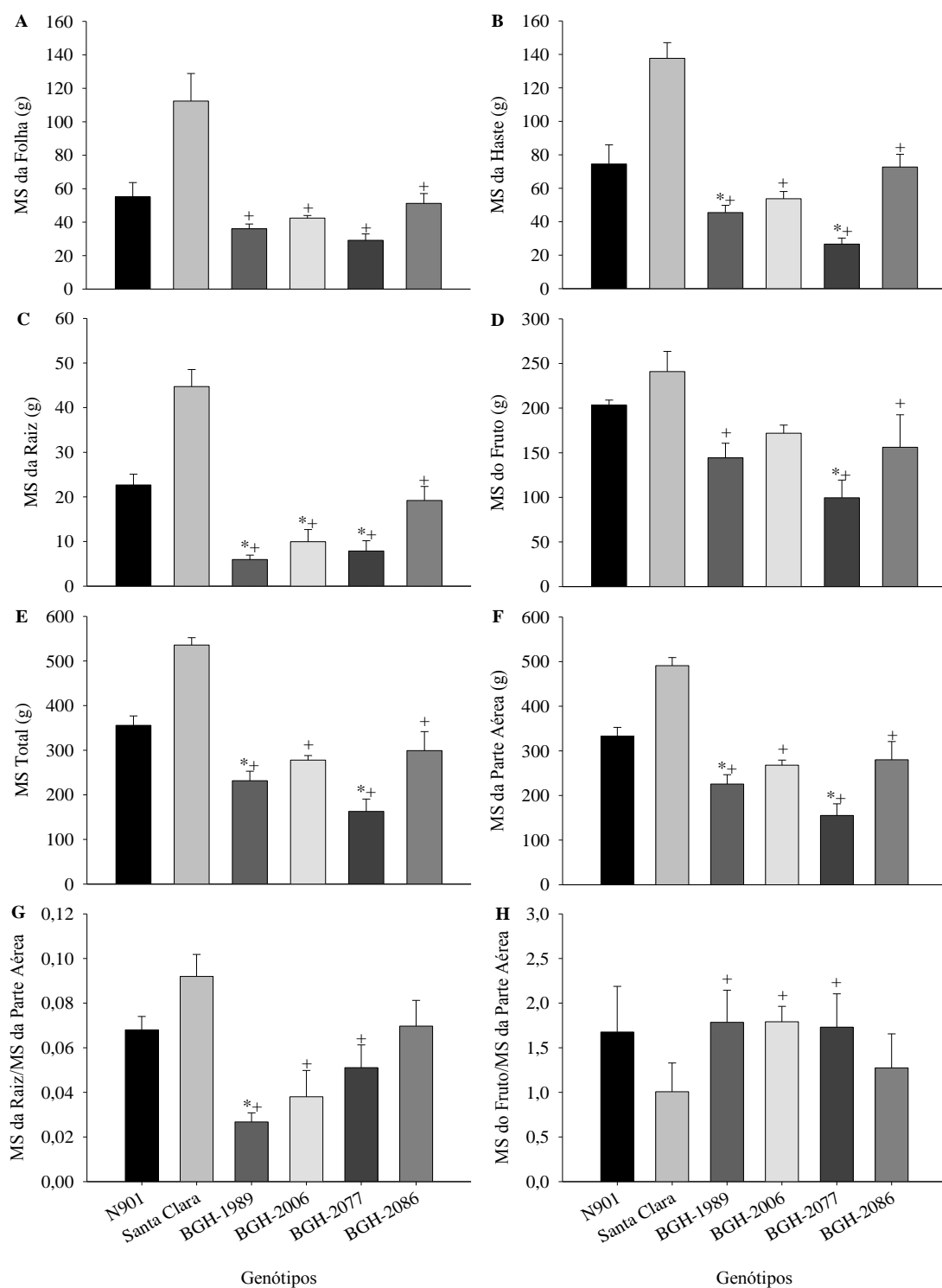
**FIGURA 1.** Parâmetros de crescimento de plantas de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunhas). A, altura da planta aos 53 dias após a emergência (DAE); B, altura da planta aos 154 DAE; C, taxa de crescimento absoluto (TCA) em altura aos 53 DAE; D, TCA em altura aos 154 DAE; E, taxa de crescimento relativo (TCR) em altura aos 53 DAE; F, TCR em altura aos 154 DAE. Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ).

BGH-2006 foi o único acesso que não diferiu das testemunhas com relação à MS do fruto. BGH-1989 e BGH-2086 diferiram da testemunha Santa Clara e BGH-2077 diferiu de ambas as testemunhas, sendo que possuíam valores de MS do fruto inferiores às testemunhas (Figura 3D).



**FIGURA 2.** Parâmetros biométricos de plantas de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunhas) obtidos aos 53 dias após a emergência. A, matéria seca (MS) da folha; B, matéria seca da haste; C, matéria seca da raiz; D, matéria seca total da planta; E, matéria seca da parte aérea; F, razão entre matéria seca da raiz e da parte aérea. Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ).

Os resultados encontrados para MS da parte aérea nos dois períodos de avaliação foram parecidos com os resultados da MS total, apenas não foi igual para o acesso BGH-2077 onde para MS total não diferiu das testemunhas e para MS da parte aérea diferiu da testemunha Santa Clara, aos 53 DAE (Figura 2E).



**FIGURA 3.** Parâmetros biométricos de plantas de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunhas) obtidos aos 154 dias após a emergência. A, matéria seca (MS) da folha; B, matéria seca da haste; C, matéria seca da raiz; D, matéria seca dos frutos; E, matéria seca total da planta; F, matéria seca da parte aérea; G, razão entre matéria seca da raiz e da parte aérea; H, razão entre matéria seca dos frutos e da parte aérea. Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ).

Na razão entre MS da raiz e da parte aérea observou-se diferença significativa dos acessos BGH-2077 e BGH-2086 que possuíam valores superiores em relação às testemunhas aos 53 DAE (Figura 2F). Já aos 154 DAE, o acesso BGH-2086 já não mais diferiu das testemunhas, enquanto o acesso BGH-2077 diferiu apenas da testemunha Santa Clara e com valor da razão inferior ao da testemunha (Figura 3G).

Na razão entre MS dos frutos e da parte aérea observou-se diferença significativa para os acessos BGH-1989, BGH-2006 e BGH-2077 que possuíam valores superiores em relação à testemunha Santa Clara (Figura 3H).

### **Análises fisiológicas**

Os acessos BGH-2006 e BGH-2077 diferiram de ambas as testemunhas quanto a  $E$ , mas com valores maiores e menores que as testemunhas, respectivamente (Figura 4A). Os acessos não diferiram das testemunhas quanto à  $g_s$  (Figura 4B).

Com relação aos parâmetros fisiológicos  $A$  (Figura 4C) e EUA (Figura 4E), apenas o acesso BGH-2077 diferiu da testemunha Santa Clara, com valores inferiores à testemunha. Na  $C_i/C_{ref}$  observou-se que houve diferença significativa apenas entre o acesso BGH-2006 e a testemunha Santa Clara (Figura 4D), com superioridade do acesso em relação à testemunha.

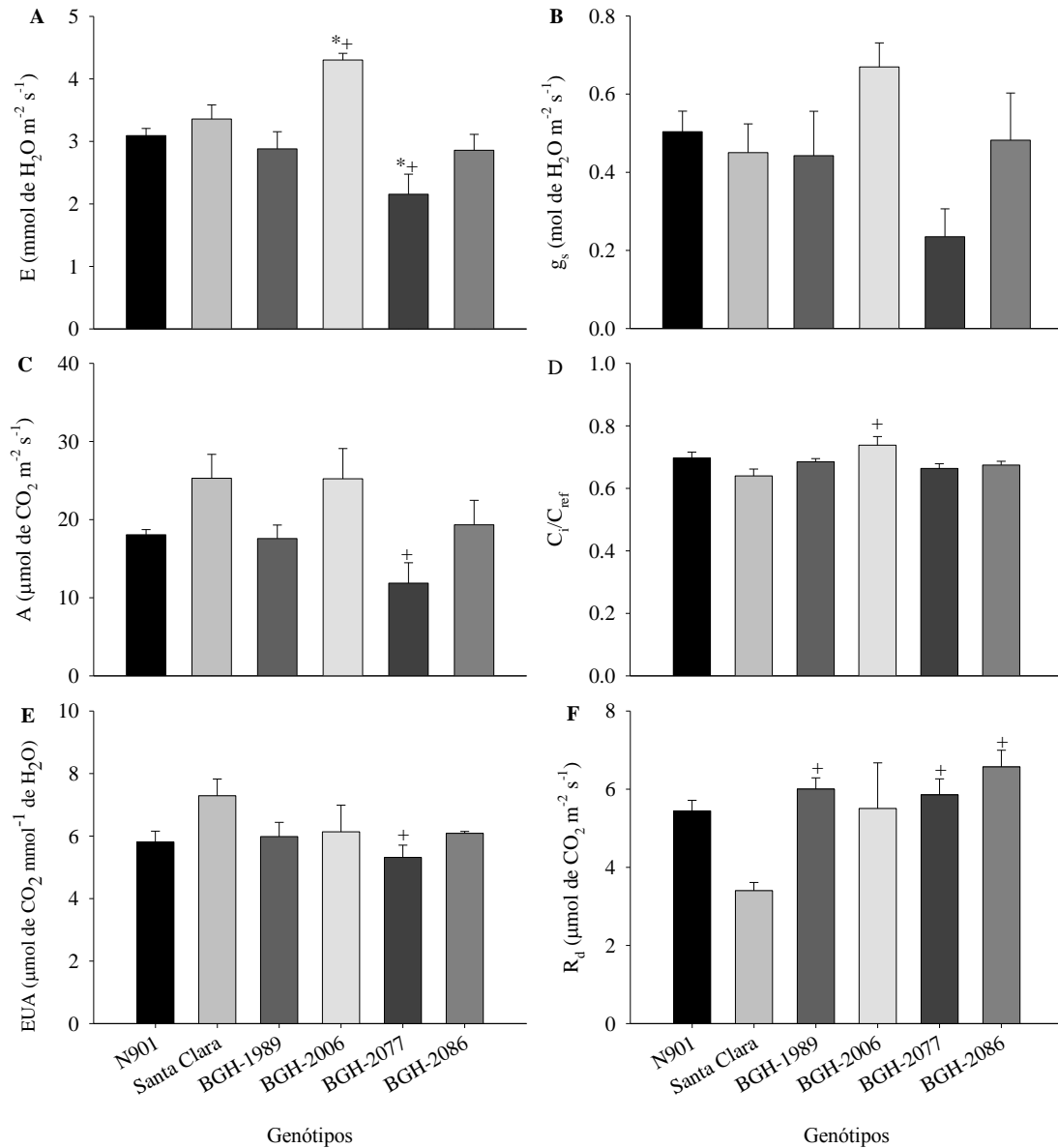
No parâmetro  $R_d$  observou-se que o acesso BGH-2006 não diferiu das testemunhas. Já os demais acessos diferiram e foram superiores à testemunha Santa Clara (Figura 4F).

No parâmetro  $F_v/F_m$  apenas o acesso BGH-1989 diferiu e foi superior a ambas as testemunhas (Figura 5A). Para os demais parâmetros de fluorescência da clorofila  $a$  não houve diferença significativa dos acessos em relação às testemunhas (Figuras 5B, 5C e 5D).

### **Análises bioquímicas**

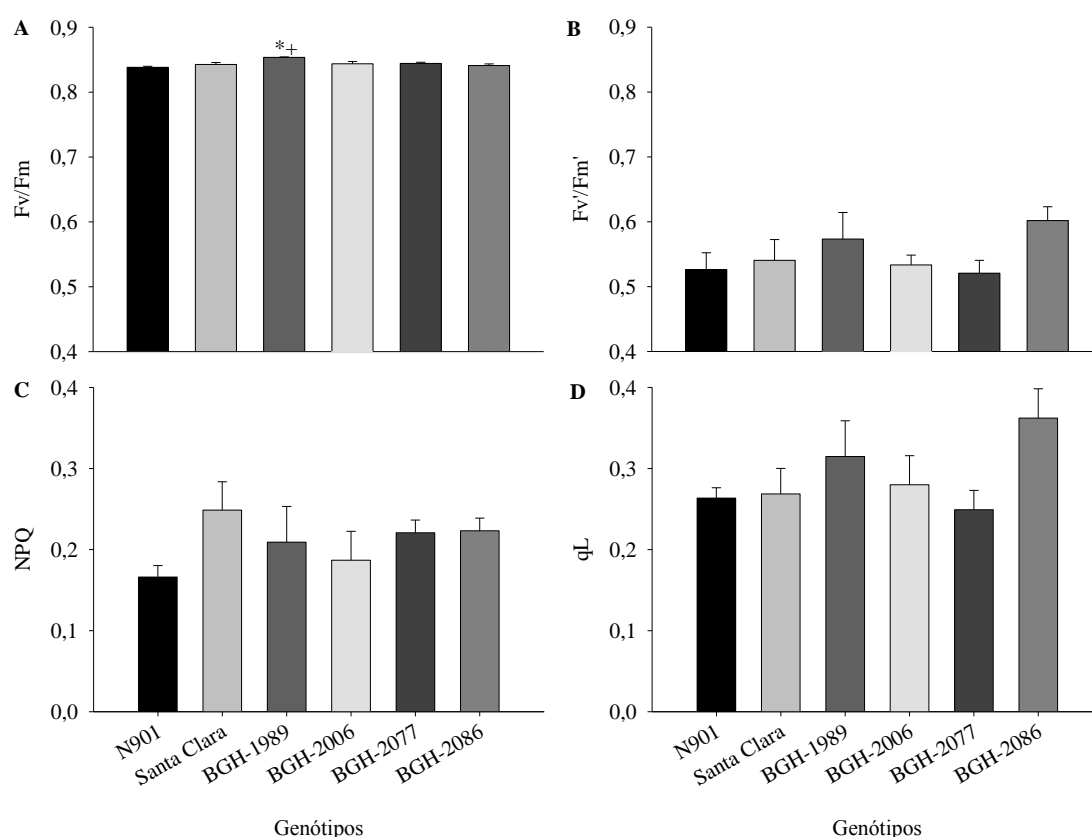
Observou-se que no teor de clorofila  $a$  o acesso BGH-2077 diferiu de ambas as testemunhas, o acesso BGH-2006 diferiu apenas da testemunha Santa Clara e os demais acessos não diferiram das testemunhas (Figura 6A). Na clorofila  $b$ , apenas o acesso BGH-2077 diferiu de ambas as testemunhas (Figura 6B). No teor de clorofilas totais foi observado o mesmo comportamento do teor de clorofila  $a$  (Figura 6D). Já na razão entre clorofilas  $a$  e  $b$  não houve diferença significativa dos acessos em

relação às testemunhas (Figura 6C). Foram observados teores menores de clorofila *a*, *b* e total para os acessos que diferiram das testemunhas (Figuras 6A, 6B e 6C).



**FIGURA 4.** Parâmetros de tocas gasosas de plantas de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunhas) obtidos aos 50 dias após a emergência. A, taxa de transpiração ( $E$ ); B, condutância estomática ( $g_s$ ); C, taxa de assimilação líquida de CO<sub>2</sub> ( $A$ ); D, razão entre a concentração interna de CO<sub>2</sub> e concentração de CO<sub>2</sub> de referência ( $C_i/C_{ref}$ ); E, eficiência instantânea do uso da água (EUA); F, taxa de respiração no escuro ( $R_d$ ). Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ).





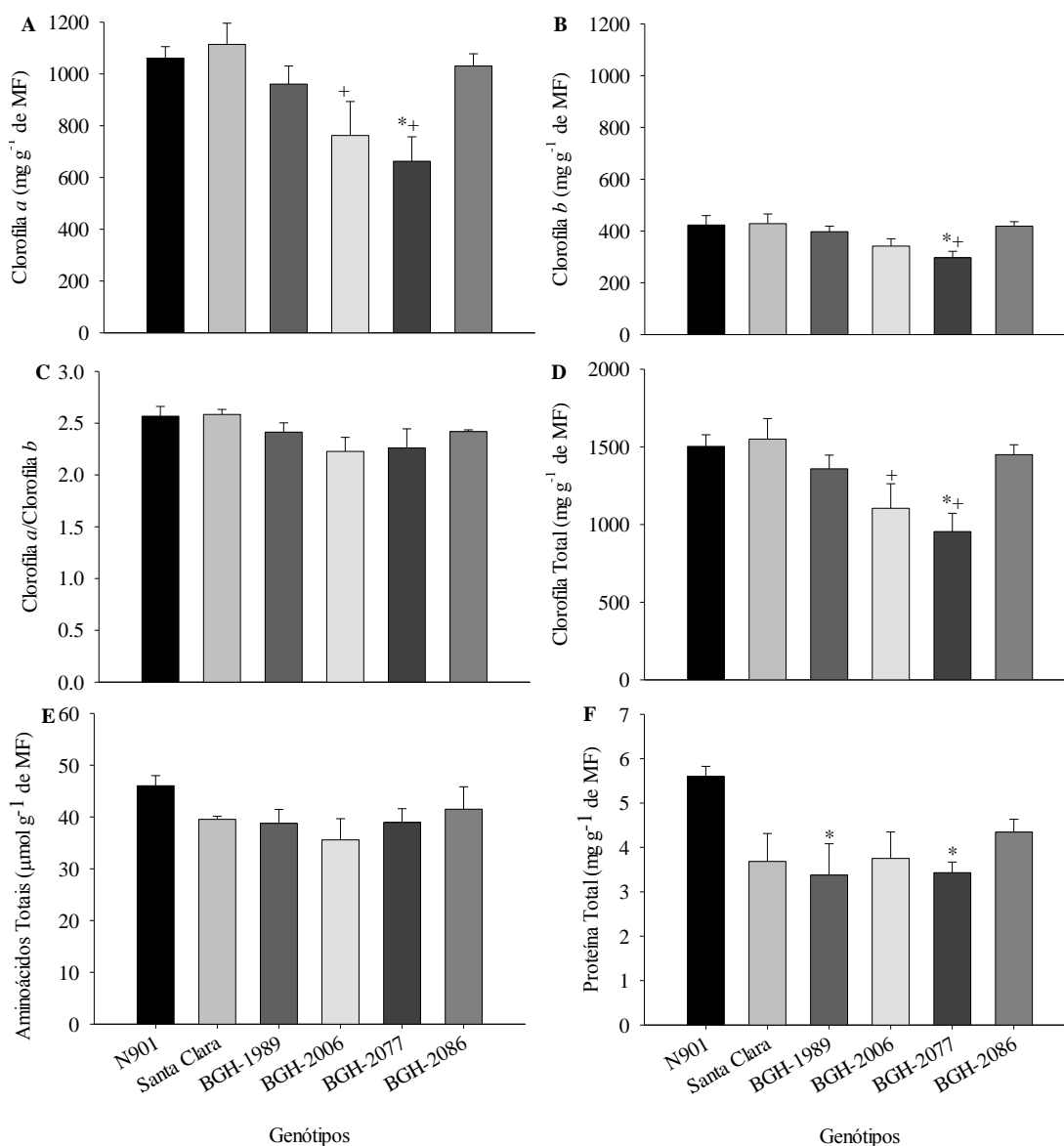
**FIGURA 5.** Parâmetros de fluorescência da clorofila *a* de plantas de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunhas) obtidos aos 50 dias após a emergência. A, eficiência fotoquímica máxima do fotossistema II (Fv/Fm); B, eficiência de captura de energia de excitação pelos centros de reação abertos do fotossistema II (Fv'/Fm'); C, coeficiente de extinção não-fotoquímica (NPQ); D, coeficiente de extinção fotoquímica (qL). Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ).

Não foram observadas diferenças significativas entre os acessos e as testemunhas para os teores de aminoácidos totais (Figura 6E).

Com relação ao teor de proteína total, foram observadas diferenças apenas entre os acessos BGH-1989 e BGH-2077 com a testemunha N-901, de forma que possuem menores teores de proteína total (Figura 6F).

O conteúdo de glicose foi menor nos períodos ao anoitecer (18h), escuro (0h) e ao amanhecer (6h), sendo que os acessos não diferiram das testemunhas nestes períodos. Houve um aumento no conteúdo de glicose às 12 horas, com destaque para os valores absolutos das testemunhas, não diferindo dos acessos BGH-2006 e BGH-

2086. Por outro lado, os acessos BGH-1989 e BGH-2077 diferiram de ambas as testemunhas, com valores menores ao das testemunhas (Figura 7A).



**FIGURA 6.** Alteração nos teores de metabólitos envolvidos no metabolismo do nitrogênio em folhas de plantas de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunhas) obtidos aos 53 dias após a emergência. A, clorofila *a*; B, clorofila *b*; C, razão entre clorofila *a* e clorofila *b*; D, clorofila total; E, aminoácidos solúveis totais; F, proteínas solúveis totais. Valores representam médias ± erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade (P<0,05).

Nos períodos de 0h e 6h não houve diferença significativa entre os acessos e as testemunhas para o conteúdo de frutose. Às 12h todos os acessos diferiram da

testemunha Santa Clara, com valores inferiores ao da testemunha. E no período de 18h apenas o acesso BGH-2077 diferiu da testemunha Santa Clara, com valores inferiores ao da testemunha. Para as testemunhas e os acessos BGH-2077 e BGH-2086 os conteúdos de frutose aumentaram no período entre 6h e 12h, posteriormente os conteúdos decresceram gradativamente até às 6h do dia seguinte. Já os acessos BGH-1989 e BGH-2006 mantiveram o aumento do conteúdo de frutose até o anoitecer, reduzindo depois (Figura 7B).

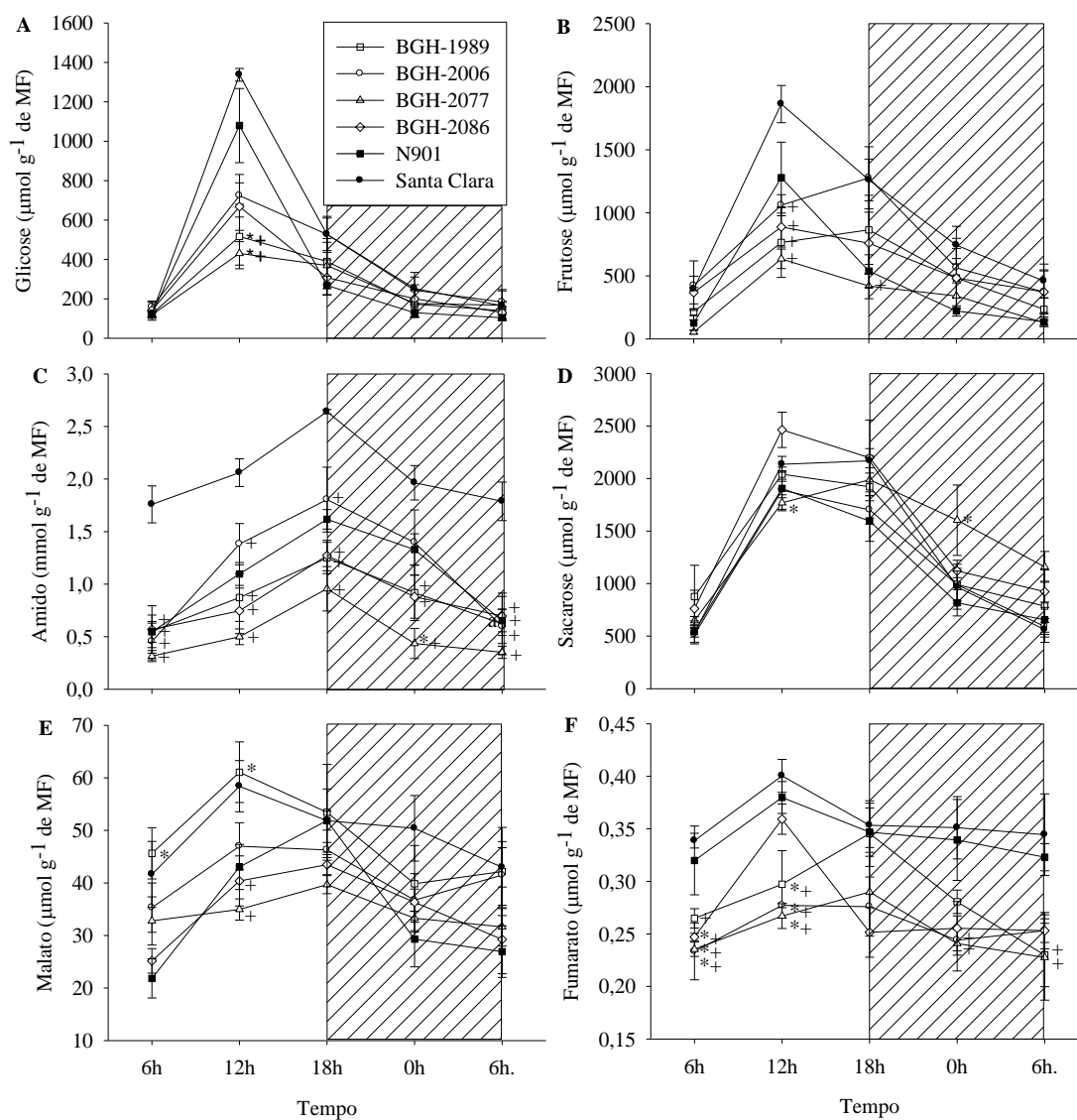
Com relação ao teor de amido, todos os genótipos avaliados apresentaram comportamento igual. Houve aumento do teor de amido até o final do dia (18h), reduzindo posteriormente. Em todos os períodos avaliados houve diferença significativa do teor de amido entre os acessos e a testemunha Santa Clara, com exceção do acesso BGH-2006 que não diferiu das testemunhas às 0h. Ainda as 0h, o acesso BGH-2077 diferiu de ambas as testemunhas. Quando diferentes, os acessos possuíam teor de amido inferior às testemunhas (Figura 7C).

No conteúdo de sacarose observou-se diferença significativa entre o acesso BGH-2077 e a testemunha N-901 nos períodos de avaliação 12h e 0h, com valores inferiores e superiores ao da testemunha, respectivamente. Os demais acessos não diferiram de ambas as testemunhas em todos os períodos avaliados. O comportamento de sacarose durante o dia foi igual para as testemunhas e os acessos BGH-1989, BGH-2006 e BGH-2086, pois o conteúdo sacarose aumentou consideravelmente entre as 6h e 12h, houve um pequeno decréscimo até às 18h e com o início do período noturno houve uma redução acentuada até às 0h. Já o acesso BGH-2077 manteve um pequeno crescimento do conteúdo de sacarose entre 12h e 18h, reduzindo gradualmente depois (Figura 7D).

O acesso BGH-1989 diferiu da testemunha N-901 com valores de malato superiores a ela nos períodos de 6h e 12h e os acessos BGH-2077 e BGH-2086 diferiram da testemunha Santa Clara com valores inferiores a ela no período de 12h. Os demais acessos não diferiram das testemunhas nos períodos avaliados. Foi observado comportamento diferente dos genótipos avaliados durante o dia com relação ao malato (Figura 7E).

Os acessos BGH-2006 e BGH-2077 diferiram de ambas as testemunhas nos períodos de 6h e 12h e da testemunha Santa Clara no período de 0h. Os acessos BGH-2086 e BGH-1989 diferiram de ambas as testemunhas nos períodos de 6h e 12h, respectivamente, e o acesso BGH-1989 ainda diferiu da testemunha Santa Clara

no às 6h. Os acessos que diferiram das testemunhas apresentaram valores inferiores a elas. Assim como no malato, foi observado comportamento diferente dos genótipos avaliados com relação ao fumarato (Figura 7F).



**FIGURA 7.** Alterações nos conteúdos de metabólitos envolvidos no metabolismo do carbono em folhas de plantas de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunhas) obtidos aos 53 dias após a emergência, em seis diferentes períodos de coletas de material vegetal: (6h) ao amanhecer, 6 horas; (12h) no meio do período luminoso, 12 horas; (18h) ao anoitecer, 18 horas; (0h) no meio do período escuro, 0 hora e; (6h.) ao amanhecer do dia seguinte, 6 horas. A, glicose; B, frutose; C, amido; D, sacarose; E, malato e; F, fumarato. Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ). Hachura indica período noturno, sem luminosidade.

## **Análises de produção, biométricas e de qualidade de frutos**

Não houve diferença significativa entre acessos e testemunhas para a característica produção (Figura S1).

Os acessos BGH-1989, BGH-2077 e BGH-2086 diferiram de ambas as testemunhas, para as características de peso médio do fruto (Figura S1B) e largura do fruto (Figura S1C). Já o acesso BGH-2006 diferiu apenas da testemunha N-901 para largura do fruto (Figura S1C). Os acessos quando diferentes das testemunhas possuíram valores superiores a elas.

Com relação ao comprimento do fruto, os acessos BGH-2006 e BGH-2077 diferiram da testemunha Santa Clara com valores superiores a testemunha. Os demais acessos não diferiram das testemunhas (Figura S1D).

Todos os acessos diferiram de ambas as testemunhas para as características de teor de sólidos solúveis totais (Figura S2A) e firmeza da polpa (Figura S2B), sendo que os acessos apresentaram valores inferiores a elas.

Todos os acessos diferiram de ambas as testemunhas para as características de pH (Figura S2C) e acidez titulável (Figura S2D), respectivamente, sendo que os acessos que diferiram das testemunhas apresentaram valores inferiores a elas.

## **Correlação entre os parâmetros**

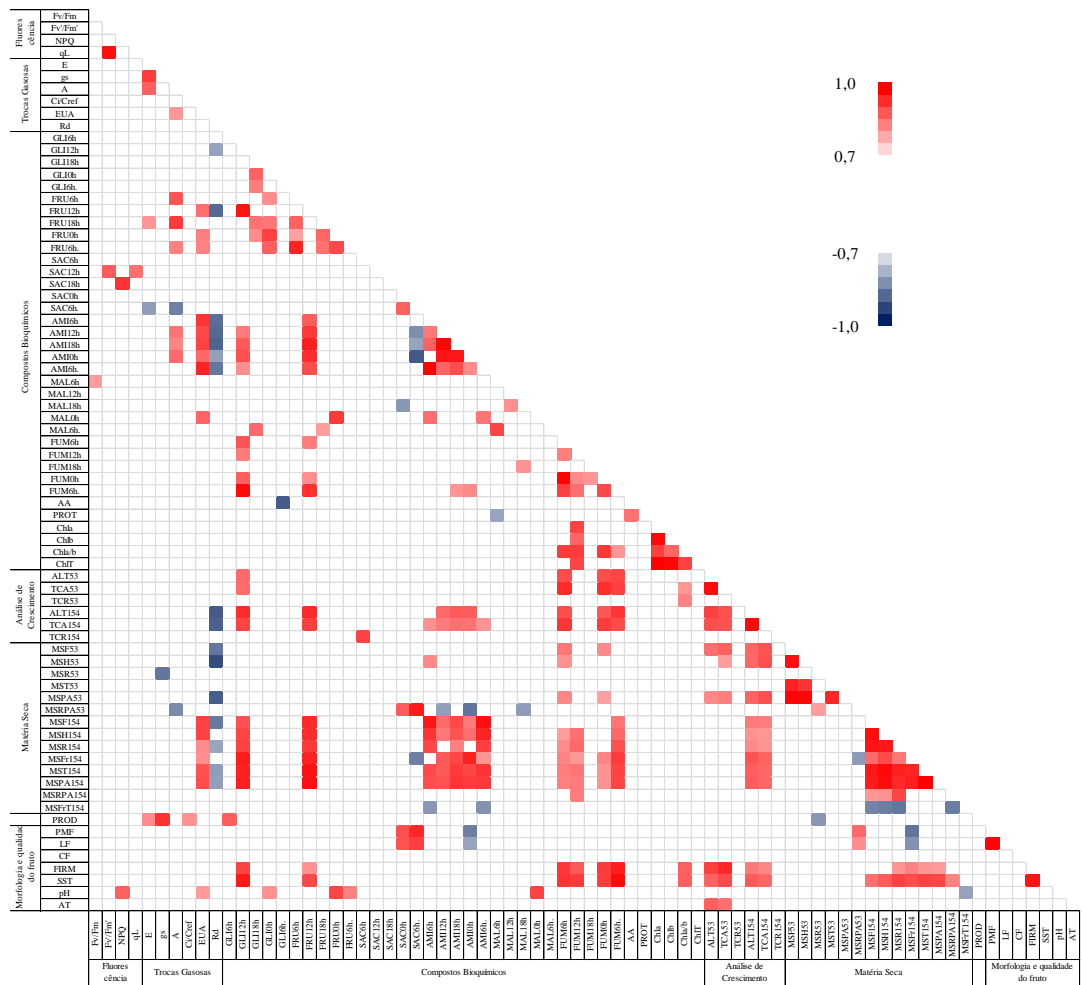
Em geral a matéria seca de todas as partições da planta aos 154 DAE correlacionou-se positivamente com EUA, glicose e frutose às 12h, amido em todos os períodos de avaliação, fumarato em todos os períodos de avaliação (exceto 18h), altura e TCA aos 154 DAE. Entretanto não foi observado correlação da MS da raiz com o teor de amido às 12h e 0h (Figura 8).

Produção correlacionou-se positivamente com  $E$ ,  $g_s$ ,  $C_i/C_{ref}$ , conteúdo de glicose às 6h e negativamente com matéria seca da raiz aos 53 DAE (Figura 8).

Com relação à formato do fruto, observou-se correlação positiva do peso médio do fruto e largura do fruto, com conteúdo de sacarose a 0h e 6h, bem como, com razão entre raiz e parte aérea aos 53 DAE, e, correlação negativa com teor de amido a 0h e MS do fruto aos 154 dias (Figura 8).

Com relação à qualidade do fruto, firmeza do fruto e SST correlacionaram-se positivamente com os conteúdos de glicose e frutose nas folhas às 12h, níveis de fumarato em todos os períodos avaliados (exceto 18h), razão entre clorofila  $a$  e  $b$  e

todas as análises de crescimento, com exceção da TCR e MS aos 154 DAE (Figura 8).



**FIGURA 8.** Correlação de Pearson entre parâmetros referentes à fluorescência da clorofila *a*, trocas gasosas, compostos bioquímicos, análise de crescimento, matéria seca, produção, morfologia do fruto e qualidade do fruto de seis genótipos de tomate de fenótipo anão e normal. Campos preenchidos indicam correlação significativamente pelo teste t de Student a 5% de probabilidade ( $p < 0,05$ ), coloração vermelha e azul indica correlação positiva e negativa, respectivamente. Os dados originais são apresentados na figura suplementar S3.

## DISCUSSÃO

De acordo com os resultados apresentados, a inferioridade da altura da planta observada nos acessos em relação às testemunhas era de se esperar, visto que o fenótipo anão reduz a distância dos entrenós e conseqüentemente reduz a estatura da planta (TGRC, 2015). A menor estatura das plantas de fenótipo anão pode ser

observada desde a fase de mudas (Marim, 2011), por isso notou-se a sua reduzida estatura já na avaliação no 53° DAE.

Os resultados da TCA foram semelhantes aos encontrados na altura, pois foi baseada neste e avalia a velocidade de crescimento da planta (Benincasa, 2004). Logo, plantas de fenótipo anão crescem menos em altura e com menor velocidade.

Já a TCR expressa o incremento na altura por unidade de crescimento inicial, em um intervalo de tempo (Reis e Muller, 1979). Segundo Benincasa (2004), todo crescimento resultará da produção de material suficiente para atender às necessidades metabólicas do material já existente e para armazenar ou construir novo material, ou seja, depende do tamanho inicial da planta. Neste trabalho, mesmo com estatura reduzida desde a fase inicial, os acessos possuem capacidade igual às testemunhas de crescimento sobre o material que está sendo acumulado. Excetuando apenas o acesso BGH-2006 que apresentou TCR inferior às testemunhas até 53 DAE (Figura 1E). Isso porque a TCR é influenciada pela giberelina e por isso mutantes anões possuem TCR menor, mas nem sempre é o principal fator (Nagel et al., 2001). Por isso acredita-se que o acesso BGH-2006 seja influenciado fortemente pelo gene de nanismo em fases iniciais de crescimento, entretanto, possui potencial de crescimento suficiente para obter TCR igual ao das testemunhas em fase avançada de crescimento.

Apesar de não ter sido analisada estatisticamente a diferença entre as testemunhas, notou-se a inferioridade em termos de valores absolutos da testemunha N-901 em relação à Santa Clara para a MS total, parte aérea, folha e haste em ambos os períodos de avaliação. Este comportamento é esperado porque N-901 é de crescimento determinado, decorrente de um estímulo hormonal que reduz gradativamente o crescimento vegetativo em tomateiro até que o meristema apical termine com duas inflorescências (Pnueli et al., 1998), ao contrário da Santa Clara que continua emitindo folhas. Corroborado pelo fato que N-901 produziu 21,3% menos MS de folha em relação à Santa Clara até 53 DAE (Figura 2A) e 50,9% menos MS de folha até 154 DAE (Figura 3A).

De modo geral, todos os acessos possuem MS da parte aérea, folha e haste menores que as testemunhas, e em alguns casos apenas à testemunha Santa Clara. Isso é o reflexo da menor produção de biomassa na parte aérea em plantas de fenótipo anão, apesar de que se observou que alguns acessos não diferiram das testemunhas quanto à assimilação de CO<sub>2</sub>.

Duas situações podem ser destacadas com relação à produção de MS na fase inicial de crescimento. O primeiro é que BGH-2077 foi o único acesso que produziu mais MS da raiz do que as testemunhas e produziu MS da parte aérea igual à testemunha N-901. O segundo é que o acesso BGH-2086 produziu MS da raiz igual às testemunhas e produziu menos MS da parte aérea que as testemunhas. Apesar de comportamentos diferentes, ambos os acessos obtiveram razão entre MS da raiz e da parte aérea superior às testemunhas, indicando que esses acessos preconizam a alocação de biomassa nas raízes na fase inicial do crescimento.

Mutantes deficientes em giberelina alocam maior proporção de sua biomassa na raiz do que os genótipos silvestres (Nagel et al., 2001; Nagel e Lambers, 2002). Baixas concentrações endógenas de giberelina reduzem a expansão e a divisão das células em folhas e caules (Nagel et al., 2001), o que reduz a área foliar e limita a exposição da maquinaria fotossintética à luz de modo que uma menor fração da capacidade fotossintética total é usada, conseqüentemente a assimilação de carbono por unidade de massa é mais lenta (Nagel e Lambers, 2002). Os baixos níveis de giberelina não afetam a taxa fotossintética, mas afetam mais fortemente o crescimento da parte aérea do que da raiz, por isso, mesmo que em menor quantidade, o fotoassimilado é direcionado para atender o custo respiratório das raízes (Nagel et al., 2001). Isso pode explicar a semelhança entre acessos e testemunhas em termos de assimilação de carbono e diferenças no acúmulo e alocação de biomassa. Mas nutrientes como nitratos e fosfatos também podem contribuir para a regulação de hormônios e alocação de biomassa nas raízes (Jiang et al., 2007; Krouk et al., 2010).

Já em fase mais avançada do crescimento, a razão entre MS da raiz e da parte aérea das testemunhas aumentou em relação aos acessos, provavelmente para atender a maior demanda de água e nutrientes exigida pelo elevado crescimento das plantas. Mesmo assim, o acesso BGH-2077 foi inferior apenas a testemunha Santa Clara e o acesso BGH-2086 não diferiu de ambas as testemunhas. A formação de raízes laterais é regulada principalmente pelo fitohormônio auxina e representa um processo fundamental na plasticidade do desenvolvimento e adaptação das plantas a estresses ambientais (De Smet et al., 2006). Giberelinas interagem negativamente com as auxinas, por isso plantas deficientes ou insensíveis à giberelina causam aumento dos níveis de auxina provocando o crescimento das raízes (Gou et al., 2010). Ainda, o estresse durante a seca sinaliza para a síntese de auxina como



resposta para maior tolerância ao estresse hídrico (Seo et al., 2009). Logo, a utilização dos acessos BGH-2077 e BGH-2086 podem ser importantes na obtenção de genótipos com maior tolerância à seca.

Açúcares tais como glicose e sacarose agem como sinalizadores metabólicos e estão envolvidos no controle do crescimento e desenvolvimento da planta (Gibson, 2005; Rolland et al., 2006). As correlações positivas que envolvem as características altura de planta, TCA aos 53 e 154 DAE e os conteúdos de glicose e frutose às 12h evidenciam a relação dos níveis desses açúcares com o fenótipo anão dos acessos. Isto pode ser verificado nos acessos BGH-1989 e BGH-2077 que possuem conteúdo de glicose às 12h inferiores a ambas as testemunhas e todos os acessos possuem conteúdo de frutose às 12h inferiores à testemunha Santa Clara. E, todos os acessos possuem menor altura e TCA do que as testemunhas. Há evidência que a disponibilidade de açúcares afeta a biossíntese de giberelina (Paparelli et al., 2013), que em caso de baixa sinalização ou biossíntese deste hormônio geram mutantes anões (Harberd et al., 2009; Muangprom et al., 2005). Logo, infere-se que os teores destes açúcares podem estar relacionados em alterações na biossíntese de giberelina e conseqüentemente afetam o crescimento da planta.

Em todos os tempos avaliados o teor de amido se correlacionou positivamente com MS de todas as partes da planta, altura e TCA no 154° DAE. Mesmo que as correlações entre teor de amido às 12h e 0h e MS da raiz no 154° DAE, bem como, entre teor de amido às 6h e altura no 154° DAE não tenham sido significativas, houve alta correlação, 0,79 e 0,81 respectivamente (Figura S3), estes resultados evidenciam a importância do amido no crescimento e no acúmulo de MS da planta como um todo.

O amido é um importante componente de reserva de carbono da planta, pois acumula durante o dia e degrada durante a noite para promover o crescimento na ausência da fotossíntese (Wiese et al., 2007). Este comportamento do teor de amido foi confirmado neste estudo para todos os genótipos avaliados (Figura 7C).

Há uma relação entre níveis de amido e síntese de giberelina. As plantas definem o seu crescimento compatível com os recursos de carbono acumulados, onde o baixo nível de amido durante a noite ou a incapacidade de utilização do amido resulta em uma redução da síntese de giberelina no dia seguinte (Izumi et al., 2013; Paparelli et al., 2013). Esta repressão do crescimento dependente da disponibilidade de carbono está em consonância com o mecanismo de quebra do amido e

crescimento durante a noite (Stitt e Zeeman, 2012). Mas deve-se considerar que uma maior reserva de amido é acumulado quando a sua oferta era insuficiente durante a noite anterior, promovendo um ajuste diário do metabolismo para evitar um desequilíbrio entre disponibilidade de amido e seu uso para o crescimento (Lunn et al., 2006). Essas afirmações são verdadeiras no ponto de vista da promoção do crescimento da planta ao longo dos dias e como forma de adaptação da planta às flutuações das condições ambientais. Entretanto, não se pode afirmar que a baixa disponibilidade de amido está diretamente relacionada com a expressão de nanismo, pois N-901 apresentou níveis de amido iguais aos acessos, o que corrobora com a ideia de que o amido não está diretamente relacionado ao fenótipo anão. Portanto, é mais plausível sugerir a provável hipótese da participação da glicose como sinalizador metabólico no controle do crescimento e desenvolvimento do fenótipo anão.

A correlação positiva dos níveis de fumarato, principalmente ao amanhecer, com os parâmetros de crescimento e acúmulo de MS indica que a planta de menor crescimento possui baixos níveis de fumarato próximo ao amanhecer comparado a plantas de maior crescimento, como as testemunhas. O acúmulo de fumarato em folhas é descrito como necessário para o rápido crescimento (Pracharoenwattana et al., 2010). Isso sugere que as testemunhas possuem uma maior capacidade de rápido crescimento nos primeiros horários do dia.

A baixa expressão da enzima fumarase causa restrição na fotossíntese e consequentemente redução da biomassa total da planta e índice de colheita, devido a defeito na eficiência estomática (Nunes-Nesi et al., 2007). Por isso acredita-se que os menores níveis de fumarato dos acessos nos primeiros horários do dia reduzem a atividade da fumarase, o que causa restrição na assimilação de  $\text{CO}_2$  e consequentemente reduzido crescimento nos primeiros horários do dia pela indisponibilidade imediata de substrato. Isso pode ser observado para o acesso BGH-2077 que foi inferior às testemunhas quanto a  $A$ , altura, TCA, MS no 154° DAE e valores de fumarato.

As correlações positivas entre produção e os parâmetros  $E$ ,  $g_s$  e  $C_i/C_{ref}$  se devem aos seguintes fatos, os acessos não diferiram de ambas as testemunhas para produção e  $g_s$ , e, mesmo que o acesso BGH-2006 tenha sido superior às testemunhas no parâmetro  $E$  e à testemunha Santa Clara no parâmetro  $C_i/C_{ref}$ , o comportamento dos genótipos em termos de valores absolutos foram semelhantes nestas variáveis. A

capacidade do acesso BGH-2006 de assimilar CO<sub>2</sub> durante o dia, reduzir a perda de carbono durante a noite e acumular na MS dos frutos igual ao de ambas às testemunhas, indica o seu potencial para assimilar e alocar MS em partes da planta de interesse econômico, como os frutos de tomateiro.

O aumento do teor de açúcares da fruta está condicionado a maior capacidade de captar sacarose do floema (Baxter et al., 2005; Fridman et al., 2004). Neste estudo foi observada correlação positiva dos conteúdos de glicose e frutose com o teor de SST, ao passo que não houve correlação significativa entre conteúdo de sacarose e teor de SST. Possivelmente está relacionado à enzima invertase que melhora a eficiência da clivagem da sacarose no apoplasto e ajuda a manter o gradiente de sacarose favorável (Sturm e Tang, 1999) ao aumento da capacidade de absorção do açúcar no fruto (Bush, 1993). Assim, acredita-se que os acessos codificam menos a enzima do que a testemunha Santa Clara de modo que disponibiliza menos glicose e frutose ao fruto, resultando em menor teor de SST nos acessos.

Segundo Fridman et al. (2002) dois QTLs contribuem para o aumento de SST no fruto, o primeiro está ligado ao hábito de crescimento semi-determinado que aumenta a massa de captação de energia tal que mais fotoassimilado é gerado, enquanto o segundo facilita a captação deste fotoassimilado na fruta, mencionado anteriormente. O fato do QTL ligado ao hábito de crescimento estar associado à geração de fotoassimilado, que posteriormente será alocada no fruto, pode, em fases iniciais, contribuir para o crescimento da planta, já que houve correlação positiva do teor de SST com crescimento e acúmulo de MS (Figura 8).

Em suma, notou-se em geral que os acessos de fenótipo anão possuem capacidade de assimilação de CO<sub>2</sub> igual a genótipos de fenótipo normal. Logo, acredita-se que a regulação da expressão de genes ligados a hormônios de crescimento seja responsável pela diferença entre os acessos e as testemunhas com relação ao acúmulo e alocação de biomassa em diferentes partes da planta. Porém, cada acesso possui maquinaria específica que favorece a alocação em determinado órgão e em determinado período do desenvolvimento da planta.

## CONCLUSÃO

Em geral os acessos possuem capacidade fotossintética parecida com as testemunhas, mas por terem o crescimento da parte aérea suprimida pelo gene de

nanismo e possivelmente diferentes hormônios regulando o crescimento da parte aérea e das raízes, os acessos BGH-2077 e BGH-2086 alocam biomassa nas raízes mais do que plantas de fenótipo normal em fases iniciais de crescimento.

O teor de amido contribui como fonte de carbono para o crescimento da planta e a alocação de biomassa, entretanto, não é possível associar o seu conteúdo com a sinalização para a expressão do fenótipo anão.

A glicose e a frutose são possíveis candidatos para regular a expressão do fenótipo anão dos acessos avaliados.

Os baixos níveis de fumarato de plantas de fenótipo anão nos primeiros horários do dia contribuem para uma arrancada do crescimento da planta mais lenta.

## **CAPÍTULO II**

### **SELEÇÃO DE PROGENITORES VISANDO A INTROGRESSÃO DE GENE DE NANISMO EM GERMOPLASMA DE TOMATE INDUSTRIAL COM BASE EM CARACTERÍSTICAS AGRONÔMICAS**

## RESUMO

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2015. **Seleção de progenitores visando a introgressão de gene de nanismo em germoplasma de tomate industrial com base em características agronômicas.** Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

A eficiência da colheita mecânica foi um dos grandes fatores que contribuíram para o avanço do setor de tomate industrial. O nanismo pode modelar a arquitetura da planta e ser utilizada para obter uma planta compacta e ereta, que contribua para evitar a entrada de impurezas e minimizar os danos causados às colhedoras. O objetivo foi selecionar progenitores para redução do porte de tomate industrial, utilizando estimativas de capacidade combinatória. O delineamento experimental adotado foi blocos casualizados com três repetições, realizou-se cruzamento dialélico parcial entre quatro acessos de fenótipo anão e oito híbridos comerciais de tomate industrial, sendo avaliados os progenitores e a geração  $F_2$  (apenas plantas de fenótipo anão). Foram avaliados produção por planta, características de porte da planta e formato do fruto. Plantas  $F_2$  produziram em média um quilograma por planta a mais que os progenitores de fenótipo anão, mas, menos que os progenitores de fenótipo normal. Contudo, a redução do diâmetro da copa possibilita o adensamento de plantas e possivelmente obtenha-se produtividade parecida ou superior ao encontrado em plantas de fenótipo normal. Todos os acessos contribuíram igualmente para a redução do diâmetro da copa e BGH-2086 foi o acesso que mais contribuiu para redução da altura da planta. A redução do tamanho da planta não reduziu de forma proporcional o tamanho dos frutos, fato extremamente importante quando se deseja reduzir o porte do tomateiro sem afetar o tamanho dos frutos destinados ao processamento industrial.

**Palavras-chave:** fenótipo anão; dialélico parcial; porte; formato do fruto.

## ABSTRACT

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2015. **Parental selection seeking the dwarfism gene introgression in industrial tomato germplasm based on agronomic characteristics.** Adviser: Derly José Henriques da Silva. Co-advisers: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The efficiency of mechanical harvesting was one of the factors that contributed to the advancement of processing tomato sector. Dwarfism can model the plant architecture and be used for a compact and upright plant, which will help to avoid impurities entering and minimize damage to harvesters. The objective was to select parents to reduce processing tomato size, using estimates of combining ability. The experimental design was a randomized block design with three replications, there was partial diallel cross among four dwarf phenotype and eight commercial hybrids of processing tomato, and evaluated the parents and the F<sub>2</sub> generation (only dwarf phenotype plants). We evaluated yield per plant, characteristics of the plant size and fruit shape. F<sub>2</sub> plants produced an average kilogram per plant more than the progenitors of dwarf phenotype, but, less than the normal phenotype progenitors. However, reducing the diameter of canopy enables densification of plants and possibly to obtain similar or superior to that found in normal plant phenotype. All access also contributed to the reduction of canopy diameter and BGH-2086 was the access that contributed most to reducing plant height. Reducing the size of the plant has not reduced in proportion to the size of the fruit, extremely important fact when you want to reduce the size of the tomato without affecting the size of the fruit destined for industrial processing.

**Keywords:** dwarf phenotype; partial diallel; size; fruit shape.

## INTRODUÇÃO

O Brasil é o sétimo maior produtor mundial de tomate para processamento industrial (WCPT, 2015). A mecanização nos campos de produção propiciou o avanço no setor de tomate industrial, onde a eficiência da colheita mecanizada foi um dos principais fatores que contribuíram para a expansão da cultura e também minimizou problemas como disseminação de doenças e falta de mão de obra. Atualmente, a colheita é mecânica é realizada em quase todas as áreas cultivadas com tomateiro industrial. Para o sucesso da colheita mecânica, as cultivares de tomate industrial devem ser de porte determinado, maturação concentrada e com frutos firmes (Clemente e Boiteux, 2012). Pois, diferentemente da colheita manual, a colheita mecânica é realizada em uma única etapa e aumenta a probabilidade de ocorrer danos aos frutos na colheita e no transporte.

Por não ser tutorado, o tomateiro industrial se desenvolve prostrado. Por causa disso a plataforma de corte da colhedora deve passar junto ao solo, onde toda a parte aérea da planta é colhida e os frutos são destacados por meio de intensa vibração no equipamento. Com isso, pedras, tocos e outros objetos podem vir a entrar e ocasionar danos ao equipamento. Para minimizar estes danos, devem ser selecionados campos de produção livres de impurezas e ainda realizada a limpeza e preparo intenso do solo.

Segundo Kemble et al. (1994), plantas de tomate de crescimento baixo e formato compacto possuem frutos acima do solo por causa de seus ramos curtos, não requerendo tutoramento, amarração, ou poda. Logo, cultivares mais eretas que possibilitam a elevação da plataforma de corte são desejáveis para evitar a entrada de impurezas no equipamento, facilitar a colheita, reduzir perdas na colheita e melhora qualidade dos frutos.

O nanismo é uma estratégia utilizada por melhoristas para adequar diversas culturas a um determinado sistema de cultivo ou aumentar a produtividade. A altura da planta é uma importante característica agrônômica para a modelagem da arquitetura da planta que afeta o rendimento das culturas. O exemplo mais conhecido de adoção comercial do nanismo foi da cultivar de trigo semi-anã 'Norin10', importante evento do melhoramento de plantas que contribuiu substancialmente para a 'Revolução Verde' (Hedden, 2003). Gene de nanismo em trigo e arroz é eficaz na redução da altura da planta e tem sido associada com aumento do rendimento, maior



resistência ao acamamento, índice de colheita mais elevado e conseqüentemente, maior capacidade de responder a altas doses de nitrogênio (Beharav et al., 1998; Hedden, 2003; Newbury, 2003). Ainda, plantas de trigo anãs, com hastes mais curtas, direcionam sua energia para encher os grãos em detrimento do crescimento em altura (Dauora et al., 2014).

No milho, a estratégia de programas de melhoramento modernos está relacionada com o adensamento populacional. Plantas altas e adensadas podem acamar e reduzir o rendimento de grãos. Para evitar o acamamento os melhoristas reduziram a altura das plantas (Ji-Hua et al., 2007).

Em tomateiro, o nanismo está relacionado a mutações de genes que codificam enzimas envolvidas na sinalização ou biossíntese de hormônios que regulam o crescimento das plantas, como giberelina (Cheng et al., 2004; Jasinski et al., 2008) e brassinosteróides (Fujioka e Yokota, 2003). Mutantes de fenótipo anão possuem baixa expressão desses genes o que causa reduzido crescimento da planta e germinação de sementes, bem como, folhas verde escuras, grossas e encarquilhadas (Zeevaart, 1986; Zhu et al., 2013). No caso do gene *brachytic* (*br*), o fenótipo anão é caracterizado apenas pela redução dos entrenós, sem afetar os demais órgãos (Kilen, 1977). Segundo Frasca et al. (2014), por ter porte compacto, plantas de tomate de fenótipo anão podem ser cultivadas em uma densidade de plantas maior do que as cultivares de tomateiro atualmente utilizadas, mantendo a mesma produtividade.

A possibilidade de facilitar a colheita, ter alta produtividade e obter frutos condizentes com a exigência do mercado, torna a utilização do nanismo potencial no melhoramento do porte de tomateiro destinado ao processamento industrial. Logo, o objetivo com este trabalho foi selecionar progenitores visando a introgressão de gene de nanismo em germoplasma de tomate industrial com base em características agronômicas.

## MATERIAL E MÉTODOS

### Material vegetal e experimento de campo

Doze progenitores e suas 32 combinações híbridas de tomate foram avaliados quanto à produção e características agronômicas. Dois grupos de progenitores foram formados. Grupo 1, composto por quatro acessos de tomate de fenótipo anão do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-

1989; BGH-2006; BGH-2077 e BGH-2086) escolhidos por sua morfologia compacta, distância entrenós reduzida, porte ereto e nanismo. Grupo 2, composto por oito híbridos comerciais de tomate industrial (UG-8169; HMX-7889; AP-533; H-9553; H-9992; H-9889; N-901 e U-2006) escolhidos por terem características agrônomicas desejáveis e alta qualidade industrial dos frutos.

Um total de 32 cruzamentos foram realizados a partir do cruzamento dialélico parcial 4x8 entre os progenitores dos grupos 1 e 2. Dos cruzamentos obteve-se a geração F<sub>1</sub> e da autofecundação da geração F<sub>1</sub> obteve-se a geração F<sub>2</sub>. Como a característica de porte da planta de tomateiro é monogênica e o fenótipo anão é expresso na forma recessiva dos alelos, a seleção do fenótipo pode ser realizada precocemente nas mudas (Marim, 2011). Por isso, na geração F<sub>2</sub> foram selecionadas mudas de fenótipo anão, distintos nas mudas normais pela estatura reduzida e menor comprimento das folhas. No experimento foram avaliados os progenitores e a geração F<sub>2</sub> de fenótipo anão.

O experimento foi conduzido no campo experimental ‘Horta Velha’ da UFV no município de Viçosa, Minas Gerais (20°45’14” latitude Sul, 42°52’53” longitude Oeste e 648 metros de altitude). A cultura foi conduzida sem tutoramento, irrigação por gotejamento, tratos culturais e fitossanitários realizados segundo suas necessidades. As adubações foram realizadas bissemanalmente com base na análise de solo e recomendações para a cultura (Ribeiro, 1999).

O experimento foi realizado de junho de 2014 a novembro de 2014. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com três repetições, plantas espaçadas a 1,2 metros entre linhas e 0,5 metros entre plantas. As parcelas contendo os progenitores foram constituídas de uma linha com sete plantas e as parcelas contendo a geração F<sub>2</sub> foram constituídas de duas linhas com quinze plantas cada, totalizando trinta plantas na parcela.

### **Características Avaliadas**

Aos 94 dias após a emergência (DAE) foram avaliadas em cada planta as seguintes características: diâmetro da copa, distância entre as extremidades da copa da planta, com auxílio de um equipamento construído em cano de policloreto de polivinila (PVC) e fita métrica, baseado na funcionalidade do paquímetro (cm); e altura da planta, distância entre o colo e a extremidade apical da planta, com auxílio do mesmo equipamento (cm). No 135° DAE foram selecionados um fruto do

segundo ou terceiro cacho de cada planta da parcela (IPGRI, 1996) e foram avaliadas as características: largura do fruto, distância da região equatorial do fruto com auxílio de um paquímetro digital (mm); comprimento do fruto, distância entre a base e o ápice do fruto com auxílio de um paquímetro digital (mm); razão entre comprimento e largura do fruto e número de lóculos. No 140° DAE, na colheita, foram avaliadas as características: produção por planta, obtida pela massa total de frutos por planta ( $\text{kg planta}^{-1}$ ); número de frutos, obtido pela contagem do número de frutos em cada planta; e peso médio do fruto, obtido pela razão entre produção e número de frutos por planta (g).

### **Capacidade Combinatória**

As estimativas dos parâmetros de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram obtidas pela análise dialélica parcial (Geraldí e Miranda Filho, 1988, adaptado de Griffing, 1956), segundo o modelo estatístico:  $Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + \epsilon_{ij}$ , em que:  $Y_{ij}$  é a média do cruzamento envolvendo o  $i$ -ésimo progenitor de grupo 1 e o  $j$ -ésimo progenitor do grupo 2;  $\mu$  é a média geral;  $d_1$  e  $d_2$  são os contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2 e a média geral, respectivamente;  $g_i$  é o efeito da CGC do  $i$ -ésimo progenitor do grupo 1;  $g'_j$  é o efeito da CGC do  $j$ -ésimo progenitor do grupo 2;  $s_{ij}$  é o efeito da CEC entre progenitores de ordem  $i$  e  $j$ , dos grupos 1 e 2, respectivamente; e  $\epsilon_{ij}$  é o erro experimental médio. Também foi estimado o coeficiente de correlação de Pearson entre os efeitos de  $g_i$  e  $g_j$  para as características acima citadas. As análises foram realizadas com o aplicativo computacional em genética e estatística Genes versão 2013.1.1 (Cruz, 2013).

## **RESULTADOS**

### **Análise de Variância**

Houve efeito significativo de tratamento sobre todas as características avaliadas (Tabelas 1 e 2), ou seja, existe diferenças genéticas entre os progenitores dos grupos 1 e 2 e as plantas da geração  $F_2$ . Houve efeito significativo de grupo sobre todas as características avaliadas (Tabelas 1 e 2), ou seja, existem diferenças genéticas entre os grupos.

As estimativas da CGC para os progenitores dos grupos 1 e 2 foram significativas para todas as características avaliadas, com exceção do diâmetro da copa no grupo 1 (Tabelas 1 e 2). Não houve efeito significativo da CEC para a característica produção por planta (Tabela 1). Já nas demais características houve efeito significativo da CEC, sugerindo a presença de desvios de dominância nas combinações híbridas avaliadas (Tabelas 1 e 2).

**TABELA 1.** Resumo da análise de variância, estimativas dos quadrados médios das análises de variância da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação às características de produção por planta, número de frutos por planta (Nº frutos), diâmetro da copa (Diâmetro) e altura da planta (Altura). Viçosa, MG, 2014.

| Fonte de Variação    | GL | Produção (kg planta <sup>-1</sup> ) | Nº Frutos  | Diâmetro (cm)       | Altura (cm) |
|----------------------|----|-------------------------------------|------------|---------------------|-------------|
| Tratamento           | 43 | 1,40**                              | 1040,87**  | 1178,08**           | 648,78**    |
| Grupo                | 1  | 45,16**                             | 30881,22** | 36807,15**          | 21215,94**  |
| CGC 1                | 3  | 1,80**                              | 834,15**   | 70,18 <sup>ns</sup> | 48,06**     |
| CGC 2                | 7  | 0,78**                              | 1100,99**  | 192,91**            | 13,26**     |
| CEC 1x2              | 32 | 0,13 <sup>ns</sup>                  | 114,59**   | 384,05**            | 201,39**    |
| Resíduo              | 86 | 0,19                                | 52,41      | 33,08               | 3,31        |
| Média 1              |    | 1,48                                | 19,30      | 52,32               | 41,32       |
| Média 2              |    | 3,70                                | 74,26      | 106,39              | -           |
| Média F <sub>2</sub> |    | 2,48                                | 37,72      | 57,61               | 36,64       |
| Mín F <sub>2</sub>   |    | 0,05                                | 2          | 11                  | 10          |
| Máx F <sub>2</sub>   |    | 7,81                                | 193        | 131                 | 70          |
| CV (%)               |    | 16,85                               | 16,96      | 8,71                | 5,99        |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente. Média: valor médio da parcela. Mín F<sub>2</sub>: menor valor observado por planta na população F<sub>2</sub>. Máx F<sub>2</sub>: maior valor observado por planta na população F<sub>2</sub>. CV: coeficiente de variação.

### Produção por planta

Foram observados valores positivos e significativos para as estimativas da CGC dos progenitores BGH-2006 e HMX-7889 dos grupos 1 e 2, respectivamente (Tabela 3). Este resultado indica que ambos os progenitores possuem alelos favoráveis para o aumento da produção.

### Número de frutos por planta

As maiores estimativas da CGC foram observadas para o progenitor BGH-2006 do grupo 1 e para os progenitores H-9553 e H-9992 do grupo 2. A maior estimativa da CEC foi para a combinação híbrida BGH-2006/U-2006. A combinação

híbrida BGH-2006/H-9553 possui estimativa de CEC de alta magnitude, bem como os progenitores possuem as maiores estimativas de CGC (Tabela 4), indicando a superioridade desta combinação híbrida para aumento do número de frutos por planta.

**TABELA 2.** Resumo da análise de variância, estimativas dos quadrados médios das análises de variância da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação às características de peso médio do fruto (PMF), largura do fruto (Largura), comprimento do fruto (Comprimento), razão comprimento/largura do fruto (C/L) e número de lóculos do fruto (Nº Lóculos). Viçosa, MG, 2014.

| Fonte de Variação    | GL | PMF (g)   | Largura (mm) | Comprimento (mm) | C/L    | Nº Lóculos |
|----------------------|----|-----------|--------------|------------------|--------|------------|
| Tratamento           | 43 | 548,49**  | 97,24**      | 133,45**         | 0,12** | 4,12**     |
| Grupo                | 1  | 7798,87** | 2284,71**    | 1445,44**        | 2,83** | 114,60**   |
| CGC 1                | 3  | 1535,39** | 251,68**     | 349,41**         | 0,34** | 13,19**    |
| CGC 2                | 7  | 1301,20** | 106,83**     | 263,83**         | 0,05** | 0,85**     |
| CEC 1x2              | 32 | 64,74**   | 12,31**      | 43,69**          | 0,03** | 0,53**     |
| Resíduo              | 86 | 30,58     | 5,47         | 9,02             | 0,004  | 0,12       |
| Média 1              |    | 80,95     | 62,17        | 53,86            | 0,88   | 5,82       |
| Média 2              |    | 52,13     | 46,74        | 64,67            | 1,38   | 2,21       |
| Média F <sub>2</sub> |    | 68,69     | 55,96        | 55,13            | 1,00   | 4,06       |
| Mín F <sub>2</sub>   |    | 19,52     | 23,01        | 25,27            | 0,54   | 2,00       |
| Máx F <sub>2</sub>   |    | 305,57    | 93,42        | 99,71            | 2,48   | 18,00      |
| CV (%)               |    | 8,33      | 4,27         | 5,29             | 5,678  | 8,83       |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente. Média: valor médio da parcela. Mín F<sub>2</sub>: menor valor observado por planta na população F<sub>2</sub>. Máx F<sub>2</sub>: maior valor observado por planta na população F<sub>2</sub>. CV: coeficiente de variação.

**TABELA 3.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica produção por planta (kg planta<sup>-1</sup>). Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC      |          |                     |          | CGC 2               |
|------------|----------|----------|---------------------|----------|---------------------|
|            | BGH-1989 | BGH-2006 | BGH-2077            | BGH-2086 |                     |
| UG-8169    | -0,005   | -0,335   | 0,117               | -0,046   | -0,167*             |
| HMX-7889   | 0,070    | 0,021    | 0,186               | -0,065   | 0,260**             |
| H-9553     | -0,085   | 0,325    | -0,130              | -0,182   | 0,069 <sup>ns</sup> |
| AP-533     | -0,317   | -0,234   | 0,012               | -0,311   | 0,087 <sup>ns</sup> |
| H-9992     | 0,133    | -0,382   | -0,021              | 0,105    | 0,113 <sup>ns</sup> |
| H-9889     | -0,108   | 0,143    | -0,074              | 0,246    | -0,232**            |
| N-901      | 0,131    | 0,039    | -0,048              | -0,012   | 0,086 <sup>ns</sup> |
| U-2006     | -0,113   | 0,270    | 0,081               | -0,314   | -0,216*             |
| CGC 1      | -0,129*  | 0,310**  | 0,010 <sup>ns</sup> | -0,192** |                     |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

**TABELA 4.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica número de frutos por planta. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |                      |                     |                      | CGC 2               |
|------------|----------------------|----------------------|---------------------|----------------------|---------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006             | BGH-2077            | BGH-2086             |                     |
| UG-8169    | -2,686**             | -10,282**            | 0,628 <sup>ns</sup> | -3,149**             | 2,032 <sup>ns</sup> |
| HMX-7889   | 3,120**              | -0,680 <sup>ns</sup> | 1,708*              | -1,191 <sup>ns</sup> | -2,715*             |
| H-9553     | -2,792**             | 3,779**              | -3,330**            | -7,610**             | 7,449**             |
| AP-533     | -3,485**             | -5,049**             | 4,064**             | -3,390**             | -8,149**            |
| H-9992     | -1,595*              | -9,013**             | -5,670**            | -0,379 <sup>ns</sup> | 7,440**             |
| H-9889     | -3,544**             | -0,007 <sup>ns</sup> | -1,308*             | 2,801**              | -5,510**            |
| N-901      | -4,204**             | -0,780 <sup>ns</sup> | -7,737**            | -5,179**             | 6,863**             |
| U-2006     | -3,378**             | 5,450**              | -1,552*             | -6,043**             | -7,410**            |
| CGC 1      | -1,594 <sup>ns</sup> | 7,168**              | -2,619*             | -2,955**             |                     |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Diâmetro da copa

As maiores estimativas em sentido negativo da CGC do grupo 2 foram observadas nos progenitores H-9889 e U-2006. A maior estimativa em sentido negativo da CEC foi observada na combinação híbrida BGH-2006/H-9992. As estimativas negativas de alta magnitude da CGC dos progenitores H-9889 e U-2006 do grupo 2 associadas às estimativas negativas de alta magnitude da CEC nas combinações híbridas BGH-1989/H-9889 e BGH-1989/U-2006, indicam-se estas combinações para a redução no diâmetro da copa da planta (Tabela 5).

**TABELA 5.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica diâmetro da copa. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC      |           |          |          | CGC 2                |
|------------|----------|-----------|----------|----------|----------------------|
|            | BGH-1989 | BGH-2006  | BGH-2077 | BGH-2086 |                      |
| UG-8169    | -7,888** | -7,081**  | 4,570**  | -3,143** | 1,656 <sup>ns</sup>  |
| HMX-7889   | -4,577** | -3,737**  | -2,119** | -5,676** | -0,811 <sup>ns</sup> |
| H-9553     | -6,832** | -5,003**  | -9,378** | -6,153** | 1,733 <sup>ns</sup>  |
| AP-533     | -6,832** | -5,332**  | -5,173** | -6,254** | -1,245 <sup>ns</sup> |
| H-9992     | -4,806** | -10,255** | -3,770** | -3,750** | 2,129 <sup>ns</sup>  |
| H-9889     | -7,377** | -3,542**  | -6,340** | -2,020** | -3,745**             |
| N-901      | -7,172** | -3,722**  | -9,881** | -6,606** | 3,996**              |
| U-2006     | -7,287** | -4,040**  | -4,916** | -7,841** | -3,713**             |
| CGC 1      | -1,914   | 1,168     | 0,894    | -0,148   |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Altura da planta

As estimativas da CGC de maior magnitude de sentido negativo foram observadas nos progenitores BGH-2086 e H-9889 dos grupos 1 e 2, respectivamente. Apesar de haver diferença significativa para CEC, não houve estimativas negativas que indiquem desvios de dominância para redução da altura da planta (Tabela 6).

**TABELA 6.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica altura da planta. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                 |                      |                     |          | CGC 2                |
|------------|---------------------|----------------------|---------------------|----------|----------------------|
|            | BGH-1989            | BGH-2006             | BGH-2077            | BGH-2086 |                      |
| UG-8169    | 3,737**             | 2,843**              | 1,600**             | 7,466**  | -0,083 <sup>ns</sup> |
| HMX-7889   | 3,459**             | 4,198**              | 3,778**             | 5,099**  | 0,139 <sup>ns</sup>  |
| H-9553     | 6,315**             | 4,842**              | 3,824**             | 2,888**  | 0,473 <sup>ns</sup>  |
| AP-533     | 2,097**             | 3,525**              | 6,833**             | 4,662**  | 0,285 <sup>ns</sup>  |
| H-9992     | 6,313**             | 3,897**              | 4,977**             | 4,242**  | 0,863*               |
| H-9889     | 3,712**             | 2,796**              | 0,286 <sup>ns</sup> | 3,529**  | -1,413**             |
| N-901      | 7,394**             | 2,631**              | 3,689**             | 4,199**  | 0,484 <sup>ns</sup>  |
| U-2006     | 1,846**             | 4,342**              | 3,989**             | 2,808**  | -0,748*              |
| CGC 1      | 0,338 <sup>ns</sup> | -0,312 <sup>ns</sup> | 1,364**             | -1,390** |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Peso médio do fruto

As estimativas de alta magnitude em sentido negativos e positivos da CGC foram observadas nos progenitores BGH-2006 e BGH-2077 do grupo 1, respectivamente, bem como nos progenitores H-9553 e AP-533 do grupo 2. As estimativas de alta magnitude em sentido negativos e positivos da CEC foram observadas nas combinações híbridas BGH-2077/H-9553 e BGH-2077/U-2006, respectivamente (Tabela 7).

### Largura do fruto

As estimativas de alta magnitude em sentido negativos e positivos da CGC foram observadas nos progenitores BGH-2006 e BGH-2077 do grupo 1, respectivamente, bem como nos progenitores H-9992 e AP-533 do grupo 2. As estimativas de alta magnitude em sentido negativos e positivos da CEC foram observadas nas combinações híbridas BGH-2077/H-9553 e BGH-2086/U-2006, respectivamente (Tabela 8).

**TABELA 7.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica peso médio do fruto. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |                     |                      |                      | CGC 2               |
|------------|----------------------|---------------------|----------------------|----------------------|---------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006            | BGH-2077             | BGH-2086             |                     |
| UG-8169    | -0,469 <sup>ns</sup> | 4,433**             | -6,075**             | -1,045*              | -6,345**            |
| HMX-7889   | -1,942**             | 3,025**             | -0,085 <sup>ns</sup> | 5,226**              | 7,254**             |
| H-9553     | -1,927**             | 1,774**             | -9,152**             | 1,196*               | -7,215**            |
| AP-533     | 2,066**              | 4,741**             | -4,068**             | 2,898**              | 12,180**            |
| H-9992     | 0,477 <sup>ns</sup>  | 0,936 <sup>ns</sup> | -1,296**             | -3,601**             | -6,302**            |
| H-9889     | 3,093**              | 3,810**             | -4,607**             | -0,099 <sup>ns</sup> | 1,225 <sup>ns</sup> |
| N-901      | 2,684**              | 0,093 <sup>ns</sup> | -0,352 <sup>ns</sup> | 2,743**              | -5,126**            |
| U-2006     | 3,977**              | -1,536**            | 6,911**              | 3,420**              | 4,329**             |
| CGC 1      | -1,729*              | -6,215**            | 9,205**              | -1,261 <sup>ns</sup> |                     |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Comprimento do fruto

As estimativas de alta magnitude em sentido negativos e positivos da CGC foram observadas nos progenitores BGH-1989 e BGH-2006 do grupo 1, respectivamente, bem como nos progenitores H-9992 e AP-533 do grupo 2. As estimativas de alta magnitude em sentido negativos e positivos da CEC foram observadas nas combinações híbridas BGH-1989/AP-533 e BGH-1989/H-9992, respectivamente (Tabela 9).

**TABELA 8.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica largura do fruto. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |                     |                     |                      | CGC 2                |
|------------|----------------------|---------------------|---------------------|----------------------|----------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006            | BGH-2077            | BGH-2086             |                      |
| UG-8169    | -0,088 <sup>ns</sup> | 2,485**             | -2,526**            | -0,298 <sup>ns</sup> | -1,821**             |
| HMX-7889   | 0,534*               | -0,533*             | -0,752**            | 1,244**              | 2,986**              |
| H-9553     | 0,135 <sup>ns</sup>  | 1,445**             | -3,430**            | -0,297 <sup>ns</sup> | -1,717**             |
| AP-533     | 1,335**              | 0,408 <sup>ns</sup> | -1,716**            | 1,657**              | 3,274**              |
| H-9992     | 0,549*               | 1,348**             | -0,553*             | -1,578**             | -1,836**             |
| H-9889     | 3,064**              | -0,679**            | 0,577**             | 1,657**              | -0,810 <sup>ns</sup> |
| N-901      | 1,526**              | 0,013 <sup>ns</sup> | 0,053 <sup>ns</sup> | 0,679**              | -0,825 <sup>ns</sup> |
| U-2006     | 0,348 <sup>ns</sup>  | -0,638**            | 2,415**             | 3,623**              | 0,749 <sup>ns</sup>  |
| CGC 1      | 0,262 <sup>ns</sup>  | -3,451**            | 2,992**             | 0,197 <sup>ns</sup>  |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.



**TABELA 9.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica comprimento do fruto. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC      |                      |                      |                     | CGC 2               |
|------------|----------|----------------------|----------------------|---------------------|---------------------|
|            | BGH-1989 | BGH-2006             | BGH-2077             | BGH-2086            |                     |
| UG-8169    | 0,525**  | 0,807**              | -2,026**             | -0,790**            | -1,217*             |
| HMX-7889   | -1,304** | -1,864**             | -1,101**             | 0,801**             | 0,821 <sup>ns</sup> |
| H-9553     | -1,043** | 1,950**              | -2,676**             | -1,275**            | -2,943**            |
| AP-533     | -9,445** | -2,398**             | -6,184**             | -4,626**            | 6,366**             |
| H-9992     | 3,671**  | -1,550**             | -0,391 <sup>ns</sup> | 2,221**             | -3,630**            |
| H-9889     | -1,078** | -0,232 <sup>ns</sup> | -1,979**             | -1,435**            | 2,034**             |
| N-901      | 2,447**  | 0,400 <sup>ns</sup>  | -0,206 <sup>ns</sup> | 0,209 <sup>ns</sup> | -2,622**            |
| U-2006     | -2,674** | 0,401 <sup>ns</sup>  | -0,749**             | -1,443**            | 1,190*              |
| CGC 1      | -2,796** | 4,362**              | -0,061 <sup>ns</sup> | -1,505**            |                     |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Comprimento/Largura do fruto

A maior estimativa da CGC foi do progenitor BGH-2006 do grupo 1 e dos progenitores H-9889 e AP-533 do grupo 2. A maior estimativa da CEC foi da combinação híbrida BGH-1989/H-9992. Com a superioridade da estimativa da CGC do progenitor BGH-2006 associada às estimativas positivas da CEC, puderam-se identificar as combinações híbridas BGH-2006/N-901 e BGH-2006/U-2006 como favorável para obter o formato alongado do fruto (Tabela 10).

**TABELA 10.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica razão entre comprimento e largura do fruto. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |                     |                      |                      | CGC 2               |
|------------|----------------------|---------------------|----------------------|----------------------|---------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006            | BGH-2077             | BGH-2086             |                     |
| UG-8169    | -0,005 <sup>ns</sup> | -0,037**            | -0,014*              | -0,021**             | 0,013 <sup>ns</sup> |
| HMX-7889   | -0,024**             | -0,020**            | -0,006 <sup>ns</sup> | -0,002 <sup>ns</sup> | -0,053**            |
| H-9553     | -0,033**             | 0,017**             | -0,006 <sup>ns</sup> | -0,030**             | -0,026*             |
| AP-533     | -0,190**             | -0,052**            | -0,080**             | -0,100**             | 0,053**             |
| H-9992     | 0,061**              | -0,052**            | -0,010 <sup>ns</sup> | 0,060**              | -0,037**            |
| H-9889     | -0,096**             | 0,000 <sup>ns</sup> | -0,081**             | -0,085**             | 0,072**             |
| N-901      | 0,008 <sup>ns</sup>  | 0,015**             | -0,017**             | -0,018**             | -0,037**            |
| U-2006     | -0,075**             | 0,015**             | -0,070**             | -0,095**             | 0,015 <sup>ns</sup> |
| CGC 1      | -0,060**             | 0,146**             | -0,051**             | -0,036**             |                     |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

## Número de lóculos

As estimativas de maior magnitude em sentido negativo da CGC foram observadas nos progenitores BGH-1989 e UG-8169 dos grupos 1 e 2, respectivamente. A estimativa de maior magnitude em sentido negativo da CEC foi da combinação híbrida BGH-2077/UG-8169. A mesma combinação híbrida possuiu o progenitor UG-8169 com a maior estimativa em sentido negativo da CGC. Contudo, a combinação híbrida BGH-1989/UG-8169 possui as maiores estimativas em sentido negativo da CGC de ambos os progenitores e ainda estimativa negativa da CEC (Tabela 11). Ambas as combinações híbridas contribuíram com alelos favoráveis e complementares para redução do número de lóculos

**TABELA 11.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica número de lóculos. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |                      |          |                      | CGC 2                |
|------------|----------------------|----------------------|----------|----------------------|----------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006             | BGH-2077 | BGH-2086             |                      |
| UG-8169    | -0,110**             | 0,078*               | -0,692** | 0,139**              | -0,164*              |
| HMX-7889   | 0,193**              | -0,070*              | -0,540** | 0,157**              | -0,116 <sup>ns</sup> |
| H-9553     | 0,010 <sup>ns</sup>  | 0,286**              | -0,443** | 0,147**              | -0,084 <sup>ns</sup> |
| AP-533     | 0,475**              | 0,382**              | -0,205** | 0,324**              | 0,282**              |
| H-9992     | 0,094**              | 0,137**              | -0,410** | -0,335**             | -0,146*              |
| H-9889     | 0,200**              | 0,117**              | -0,183** | -0,047 <sup>ns</sup> | 0,104 <sup>ns</sup>  |
| N-901      | 0,056 <sup>ns</sup>  | -0,013 <sup>ns</sup> | -0,349** | -0,052 <sup>ns</sup> | -0,140*              |
| U-2006     | -0,026 <sup>ns</sup> | -0,018 <sup>ns</sup> | 0,357**  | 0,677**              | 0,263**              |
| CGC 1      | -0,539**             | -0,405**             | 0,788**  | 0,157**              |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

## Correlações

Houve correlação de alta magnitude nas estimativas da CGC dos progenitores do grupo 1 entre as características produção por planta e número de frutos por planta. Porém, no grupo 2 foi observada correlação baixa entre ambas as características (Tabela 12). Foi observado, em ambos os grupos, correlação moderada nas estimativas da CGC entre as características produção por planta e diâmetro da copa. Por outro lado, foi observado nos grupos 1 e 2 correlação de baixa e alta magnitude, respectivamente, entre as características produção por planta e altura de planta (Tabela 12).

**TABELA 12.** Estimativas de correlações genéticas entre os caracteres produção por planta (Produção), número de frutos por planta (NF), diâmetro da copa (DC), altura da planta (Altura), peso médio do fruto (PMF), largura do fruto (LF), comprimento do fruto (CF), razão entre comprimento e largura do fruto (C/L) e número de lóculos (NL), no grupo 1 (acima da diagonal) e grupo 2 de progenitores (abaixo da diagonal). Viçosa, MG, 2014.

|          | Produção | NF    | DC    | Altura | PMF   | LF    | CF    | C/L   | NL    |
|----------|----------|-------|-------|--------|-------|-------|-------|-------|-------|
| Produção |          | 0,92  | 0,69  | 0,18   | -0,31 | -0,63 | 0,96  | 0,90  | -0,19 |
| NF       | 0,36     |       | 0,47  | -0,13  | -0,66 | -0,88 | 0,90  | 0,98  | -0,52 |
| DC       | 0,50     | 0,89  |       | 0,09   | 0,16  | -0,17 | 0,81  | 0,60  | 0,49  |
| Altura   | 0,78     | 0,67  | 0,82  |        | 0,69  | 0,54  | -0,03 | -0,25 | 0,38  |
| PMF      | 0,12     | -0,88 | -0,67 | -0,29  |       | 0,93  | -0,34 | -0,64 | 0,89  |
| LF       | 0,37     | -0,72 | -0,46 | -0,06  | 0,95  |       | -0,66 | -0,87 | 0,76  |
| CF       | -0,14    | -0,91 | -0,70 | -0,44  | 0,92  | 0,79  |       | 0,94  | -0,10 |
| C/L      | -0,70    | -0,69 | -0,66 | -0,71  | 0,40  | 0,13  | 0,71  |       | -0,41 |
| NL       | -0,39    | -0,84 | -0,78 | -0,51  | 0,74  | 0,55  | 0,82  | 0,72  |       |

## DISCUSSÃO

Efeitos significativos apenas para a CGC de ambos os grupos indica que a produção por planta é controlada por genes com ação aditiva (Tabela 1), o que possibilita êxito da seleção em gerações iniciais (Isik et al., 2003).

Frasca et al. (2014) observaram que tomateiro de crescimento compacto produz em média menos que plantas de crescimento normal. Neste estudo, progenitores do grupo 1 produziram em média 60% menos que os progenitores do grupo 2 (Tabela 1). Mas é importante notar que plantas de fenótipo anão da geração F<sub>2</sub> produziram em média um quilograma por planta a mais do que os progenitores de fenótipo anão. Além disso, observou-se que a produção máxima por planta da geração F<sub>2</sub>, de fenótipo anão, foi o dobro que a média da produção por planta dos progenitores do grupo 2, de fenótipo normal (Tabela 1). Isto é um indicativo de que efeitos não aditivos também podem contribuir para o aumento da produção por planta. Sustentado por resultados encontrados na literatura que sugerem a presença de desvios de dominância para a característica produção por planta (Dordevic et al., 2010; Metwally et al., 2003; Solieman et al., 2013).

O fato dos progenitores do grupo 1 terem obtido em média 74% menos frutos que os progenitores do grupo 2 (Tabela 1), semelhantemente ao resultado encontrado para produção por planta, indica a estreita relação entre ambas as características. E ainda, contrariamente, o peso médio do fruto foi maior nos progenitores do grupo 1 quando comparado ao grupo 2 (Tabela 2). Portanto, pode concluir-se que o número

de frutos por planta é o componente do rendimento que mais contribui para a produção em tomateiro de crescimento compacto. Marouelli et al. (2006) obtiveram resultado semelhante trabalhando com tomateiro de crescimento normal.

A superioridade das estimativas da CGC dos progenitores BGH-2006 e HMX-7889 dos grupos 1 e 2, respectivamente, indica que estes progenitores contribuem com alelos favoráveis ao incremento na produção por planta e são recomendados para formar a população segregante (Tabela 3).

Como era de se esperar, o progenitor BGH-2006 do grupo 1 obteve a maior estimativa da CGC para a característica número de frutos por planta (Tabela 4), visto que o número de frutos por planta influencia fortemente a produção por planta. Confirmado pela alta correlação entre a CGC de ambas as características no grupo 1 (Tabela 12). Portanto, a seleção de acessos mais produtivos pode ser realizada com base em plantas com maior número de frutos. Mas deve se ter o cuidado de selecionar genótipos altamente produtivos e ao mesmo tempo que não tombem, pois o peso causado pelo aumento exacerbado do número de frutos pode provocar tombamento da planta.

Já no grupo 2, foram identificadas estimativas positivas e significativas da CGC dos progenitores H-9553, H-9992 e N-901 para a característica número de frutos por planta (Tabela 4). A não consonância deste resultado com a estimativa da CGC para produção por planta no grupo 2, é corroborada pela correlação baixa entre as estimativas da CGC para estas características (Tabela 12). Também se observou correlação baixa entre estimativas da CGC para peso médio do fruto e produção por planta (Tabela 12). Segundo Rodrigues et al. (2010), componentes primários da produção do tomateiro do grupo Salada, peso médio dos frutos e número total de frutos, têm igual importância na determinação da produção total de frutos.

A característica porte da planta de tomateiro é monogênica, o fenótipo anão é expresso na forma recessiva dos alelos e a seleção do fenótipo pode ser realizada precocemente (Marim, 2011). Assim, o fato da média da geração  $F_2$  ser similar à média dos progenitores do grupo 1 para a característica diâmetro da copa (Tabela 1), indica o sucesso na seleção de plantas com base nas mudas de fenótipo anão.

O efeito não significativo da CGC do grupo 1 em relação ao diâmetro da copa indica que todos os progenitores possuem igual importância. Já o efeito significativo da CGC do grupo 2 indica que progenitores podem ser selecionados para reduzir o diâmetro da copa (Tabela 1). Por isso acredita-se que além do efeito principal

causado pelo gene de nanismo, possivelmente há outros genes com efeitos menores que estão relacionados com outras características da morfologia da planta que auxiliam na redução do diâmetro da copa. Logo, alelos causadores destes pequenos efeitos estão presentes nos progenitores do grupo 2. A complementariedade de alelos também foi verificada pela superioridade de efeitos não aditivos na soma de quadrados da CEC (Tabela 1). Portanto, as combinações mais indicadas para redução do diâmetro da copa foram BGH-1989/H-9889 e BGH-1989/U-2006 (Tabela 5). Os progenitores H-9889 e U-2006 do grupo 2 também contribuíram para a redução da altura da planta, juntamente com o progenitor BGH-2086 do grupo 1 (Tabela 6).

Apesar da altura média da geração  $F_2$  ter sido menor que a média dos progenitores (Tabela 1), as estimativas de CEC foram todas positivas (Tabela 6). Isto se deve ao fato que foram estipuladas alturas igual a zero para os progenitores do grupo 2, já que possuem porte prostrado e não houve como avaliar a altura da planta. A média inferior da altura da planta da geração  $F_2$ , associado à predominância de efeitos não aditivos (Tabela 1), indica a presença de genes com efeito de sobredominância no sentido do menor valor. A predominância de efeitos não aditivos (El-Gabry et al., 2014) e de dominância (Metwally et al., 2003; Shalaby, 2013; Solieman et al., 2013) também foram observados em outros estudos.

Para obtenção de populações segregantes com plantas mais compactas será interessante a combinação dos progenitores H-9889 e U-2006 do grupo 2, com os progenitores BGH-1989 e BGH-2086 do grupo 1, combinando assim alelos favoráveis à redução do diâmetro da copa e da altura da planta.

A correlação positiva (0,69) entre produção por planta e diâmetro da copa indica que a seleção de plantas de fenótipo anão com reduzido diâmetro da copa implicou na redução da produção. Do mesmo modo, a correlação positiva (0,78) entre produção por planta e altura da planta, indica que a seleção de planta mais baixas reduz a produção (Tabela 12). Apesar de existir relação em sentido contrário entre produção e características do porte, a redução do porte da planta favorece o adensamento da população de tomateiros. Estudos utilizando tomateiros de fenótipo normal observaram que o aumento da densidade de plantas reduz o crescimento vegetativo que resulta em menor produção por planta, mas pode se obter um aumento na produção por unidade de área (Ismail e Mousa, 2014; Kirimi et al, 2011; Warner et al, 2002). Este raciocínio pode ser aplicado às plantas de fenótipo anão, de forma

que o menor diâmetro da copa possibilita o adensamento populacional e aumento da produtividade.

Notou-se no experimento que o tomateiro de fenótipo anão permanece ereto em grande parte do ciclo produtivo, mas o crescimento dos frutos faz com que a planta não suporte o peso dos próprios frutos e acaba tombando. A redução da altura da planta por causa do nanismo é decorrente da redução do comprimento dos entrenós, mas não altera os demais órgãos da planta, por isso, cogita-se que o gene *brachytic (br)* (TGRC, 2015) esteja relacionado com o nanismo nos acessos estudados. Contudo, acredita-se que a permanência da planta ereta até o final do ciclo não está apenas condicionada a redução do comprimento dos entrenós, onde provavelmente outras características morfológicas também colaboram com que a planta permaneça ereta.

Acredita-se que a redução do comprimento dos entrenós aumente a resistência da haste ao envergamento e, a redução do tamanho das folhas e do número de ramos resulte em arquitetura próxima ao eixo central da planta. Estas medidas provavelmente promoverão maior resistência da planta ao acamamento. Por isso, vislumbra-se que o ideótipo de uma cultivar de tomate industrial de fenótipo anão seja de estatura baixa, porte ereto, com reduzida distância entrenós da haste principal e das ramificações, tamanho de folha reduzida, menor número de ramificações, número de frutos e porte da planta equilibrada de modo que a planta suporte o peso dos frutos sem tombar e tamanho normal dos frutos.

Plantas de trigo com dois genes de nanismo introgridos obtiveram altura menor, sugerindo que pode haver efeitos aditivos para esta característica (Wang et al., 2014). Logo, sugere-se que combinação de linhas obtidas a partir de diferentes acessos de fenótipo anão pode reduzir ainda mais o porte do tomateiro, ou aumentar a probabilidade de obter genótipos próximos ao ideótipo e favorecer que a planta permaneça ereta até o final do ciclo.

Uma característica importante para tomate industrial é o formato do fruto. A característica é basicamente de herança monogênica com dominância completa da forma redonda (Maciel et al., 2008). Entretanto, os diferentes formatos do fruto encontrados na natureza indicam que pode ser condicionado por genes de efeitos quantitativos, mas com dois loci principais, *sol* e *ovate* (Azzi et al., 2015; Gonzalo e Van der Knaap, 2008).

Neste estudo foi observada a predominância de efeitos aditivos para formato do fruto, visto que houve superioridade nas somas de quadrados da CGC de ambos os grupos (Tabela 1). Já relatos da literatura indicam predominância de efeitos não aditivos (El-Gabry et al., 2014). A redução da média da geração  $F_2$  em relação à média dos progenitores para as características razão comprimento/largura e comprimento do fruto (Tabela 1), sugere a presença de dominância parcial (Solieman et al., 2013) e está em consonância com o fato da geração  $F_2$  reduzir a heterose à metade em relação à geração  $F_1$  (Falconer, 1987).

Considerando que os programas de melhoramento de tomate industrial selecionam alelos para tamanho de fruto ideal que atendam as necessidades de transporte e processamento dos frutos, assim, acredita-se que não é necessário selecionar progenitores do grupo 2 para esta característica. O peso médio dos frutos dos progenitores do grupo 1 foram em média 55,3% maiores que os frutos dos progenitores do grupo 2 (Tabela 2). Desta forma, a maior estimativa da CGC em sentido negativo para o progenitor BGH-2006, indica o seu potencial para redução do tamanho dos frutos, quando associado a maior estimativa da CEC em sentido negativo para a combinação híbrida BGH-2006/U-2006 (Tabela 7), indica que esta combinação híbrida pode contribuir com alelos favoráveis e complementares para redução do peso médio do fruto.

Há preferéncia pela indústria de processamento por frutos com razão comprimento e largura superior a um, ou seja, frutos mais alongados (Clemente e Boiteux, 2012). Os acessos deste estudo possuem formato achatado, pois tem razão entre comprimento e largura do fruto inferior a um (Tabela 1). Entretanto, se notou no campo o predomínio de frutos alongados na geração  $F_2$  provenientes do progenitor BGH-2006 do grupo 1, que também possui fruto alongado. Por isso, para todas as características relacionadas ao formato do fruto, indicou-se o progenitor BGH-2006 como favorável para obter o formato do fruto desejado (Tabelas 7, 8, 9 e 10).

O fato de existir alta correlação entre a característica razão comprimento/largura do fruto com as características produção por planta e número de frutos por planta, para CGC em ambos os grupos (Tabela 12), indica que pode haver ligação gênica entre o gene que condiciona o formato do fruto e os genes relacionados com a produção. Entretanto, a mudança de sinal sugere que os genes expressos para produção podem não ser os mesmos em ambos os grupos.

Devido à baixa correlação em ambos os grupos, o peso médio do fruto não se constitui em componente de rendimento destinado à seleção para aumentar a produção (Tabela 12).

A redução do número de lóculos está relacionada com a redução de espaço locular, reduzindo assim o esmagamento do fruto (Clemente e Boiteux, 2012). A maior redução do número de lóculos pôde ser obtida com a combinação híbrida BGH-1989/UG-8169, com base em estimativas da CGC e CEC (Tabela 11).

Com os resultados apresentados neste trabalho dá para afirmar que é possível obter em população segregante plantas de fenótipo anão com alta produção, porte reduzido e formato do fruto adequado ao transporte e processamento. Entretanto, não houve combinação entre progenitores que favoreceram todas as características avaliadas, por isso é indicado a utilização de índice de seleção ou seleção recorrente.

## **CONCLUSÃO**

Com base na capacidade geral de combinação, BGH-2006 é o acesso mais promissor para ser utilizado como progenitor para aumentar a produção por planta e obter ganhos no melhoramento do formato do fruto de tomate destinado ao processamento industrial e BGH-2086 como progenitor para reduzir a altura da planta.

A redução do tamanho da planta utilizando gene de nanismo não ocasionou a redução proporcional do tamanho dos frutos, fato extremamente importante quando se deseja selecionar plantas para reduzir o porte do tomateiro sem afetar o tamanho dos frutos destinados ao processamento industrial.



## **CAPÍTULO III**

### **SELEÇÃO DE PROGENITORES VISANDO A INTROGRESSÃO DE GENE DE NANISMO EM GERMOPLASMA DE TOMATE INDUSTRIAL COM BASE NA QUALIDADE DOS FRUTOS**

## RESUMO

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2015. **Seleção de progenitores visando a introgressão de gene de nanismo em germoplasma de tomate industrial com base na qualidade dos frutos.** Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

A umidade ocasionada pela irrigação no cultivo de tomate industrial favorece a ocorrência de doenças nos frutos que estão em contato com o solo. O nanismo em tomateiro pode proporcionar que a planta permaneça ereta reduzindo os efeitos danosos causados pelos fungos de solo sobre os frutos. O objetivo foi selecionar progenitores para obter tomateiro de fenótipo anão com alta qualidade de frutos, via introgressão de gene de nanismo. O delineamento experimental adotado foi blocos casualizados com três repetições. Utilizaram-se progenitores e geração F<sub>2</sub> (apenas plantas de fenótipo anão) provinda de cruzamento dialélico parcial entre quatro acessos de fenótipo anão e oito híbridos comerciais de tomate industrial. Foram avaliados sete características de qualidade dos frutos. A média dos acessos de fenótipo anão foi substancialmente inferior à média dos híbridos comerciais para todas as características, exceto pH e consistência da polpa. Portanto, os acessos de tomate de fenótipo anão contribuíram basicamente com o gene de nanismo, devendo os alelos relacionados com a qualidade dos frutos serem fixados a partir de material comercial. Apesar da média dos acessos serem baixas para as características de qualidade dos frutos, BGH-2006 pode ser indicado o acesso mais promissor para ser utilizado como progenitor para incremento em rendimento de polpa e teor de licopeno. Da mesma forma, o acesso BGH-2077 como progenitor para aumentar a consistência da polpa e BGH-1989 como progenitor para reduzir o pH.

**Palavras-chave:** fenótipo anão; dialelo parcial; sólidos solúveis; consistência da polpa.

## ABSTRACT

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2015. **Parental selection seeking the dwarfism gene introgression in industrial tomato germplasm based on the quality of the fruit.** Adviser: Derly José Henriques da Silva. Co-adviser: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

Moisture caused by irrigation in processing tomato cultivation favors the occurrence of diseases in fruits that are in contact with the ground. The dwarfism in tomato can provide the plant remains upright reducing the damaging effects caused by soil fungi on fruit. The goal was to select parents for tomato dwarf phenotype with high quality fruits, via introgression of dwarfism gene. The experimental design was a randomized block design with three replications. They used parents and F<sub>2</sub> generation (only dwarf phenotype plants) stemmed partial diallel cross of four dwarf phenotype access and eight commercial hybrids of processing tomato. Seven fruit quality characteristics were evaluated. The average of dwarf phenotype access was substantially below the average of commercial hybrids for all features, except pH and pulp consistency. Therefore, the dwarf phenotype of tomato accessions contributed primarily with dwarfism gene and should alleles related to the quality of the fruit being fixed from commercial hybrids. Although the average of accesses being low for fruit quality characteristics, BGH-2006 can be mentioned the most promising access to be used as parent to increase in pulp yield and lycopene content. Likewise, the access BGH-2077 as the parent for increasing the pulp consistency and BGH-1989 as the parent to reduce the pH.

**Keywords:** dwarf phenotype; partial diallel; soluble solids; pulp consistency.

## INTRODUÇÃO

O Brasil é o sétimo maior produtor mundial de tomate para processamento industrial (WCPT, 2015). A mecanização nos campos de produção foi um dos principais fatores para o avanço no setor. A expansão da cultura se deve principalmente pela eficiência da colheita mecanizada que também minimizou problemas como disseminação de doenças e falta de mão de obra (Clemente e Boiteux, 2012).

A irrigação por aspersão é amplamente utilizada no cultivo de tomate industrial (Marouelli et al., 2012). No entanto, o microclima promovido pela irrigação favorece doenças causadas por fungos de solo e o contato dos frutos com o solo com alta umidade pode reduzir a produtividade e a qualidade dos frutos. A ocorrência de doença pode ser evitada utilizando solos bem drenados e cultivares de porte ereto (Clemente e Boiteux, 2012). Investimento em programas de melhoramento genético para a obtenção de cultivares com elevada produtividade, resistência múltipla a doenças, alta qualidade industrial dos frutos e com arquitetura ereta são desafios do setor de tomate para processamento industrial.

O uso de cultivares de tomate com morfologia compacta e porte ereto pode favorecer que o tomateiro permaneça ereto até o final do ciclo produtivo. Acredita-se que se o tomateiro permanecer ereto durante todo o ciclo, os frutos não se desenvolvam sobre o solo e conseqüentemente reduz os efeitos danosos sobre os frutos causados pelos fungos de solo.

No Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) há 850 acessos de tomate. Dentre esses, há acessos de tomate de fenótipo anão com reduzida distância entrenós, porte ereto, morfologia compacta e frutos de tamanho normal.

O sucesso de um programa de melhoramento depende crucialmente da escolha dos progenitores (Fehr, 1987). Cruzamentos dialélicos, utilizados pelos melhoristas, estão entre as técnicas que auxiliam nessa escolha. Este delineamento genético proporciona estimativas de parâmetros úteis na escolha de progenitores e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres (Cruz et al., 2012).

O objetivo foi escolher progenitores para obter tomateiro de fenótipo anão com alta qualidade de frutos, via introgressão de gene de nanismo em germoplasma de tomate industrial.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Material vegetal e experimento de campo**

Doze progenitores e suas 32 combinações híbridas de tomate foram avaliados quanto à produção e qualidade de frutos. Dois grupos de progenitores foram formados. Grupo 1 composto por quatro acessos de tomate de fenótipo anão do BGH-UFV (BGH-1989; BGH-2006; BGH-2077 e BGH-2086) escolhidos por sua morfologia compacta, distância entrenós reduzida, porte ereto e nanismo. Grupo 2 composto por oito híbridos comerciais de tomate para processamento industrial (UG-8169; HMX-7889; AP-533; H-9553; H-9992; H-9889; N-901 e U-2006) escolhidos por terem características agronômicas desejáveis e alta qualidade industrial dos frutos.

Um total de 32 cruzamentos foram realizados a partir do cruzamento dialélico parcial 4x8 entre os progenitores dos grupos 1 e 2. Dos cruzamentos obteve-se a geração  $F_1$  e da autofecundação da geração  $F_1$  obteve-se a geração  $F_2$ . Como a característica de porte da planta de tomateiro é monogênica e o fenótipo anão é expresso na forma recessiva dos alelos, a seleção do fenótipo pode ser realizada precocemente nas mudas (Marim, 2011). Por isso, na geração  $F_2$  foram selecionadas mudas de fenótipo anão, distintos nas mudas normais pela estatura reduzida e menor comprimento das folhas. No experimento foram avaliados os progenitores e a geração  $F_2$  de fenótipo anão.

O experimento foi conduzido no campo experimental ‘Horta Velha’ da UFV no município de Viçosa, Minas Gerais (20°45’14” latitude Sul, 42°52’53” longitude Oeste e 648 metros de altitude). A cultura foi conduzida de forma rasteira (sem tutoramento) com irrigação por gotejamento, tratos culturais e fitossanitários realizados segundo as necessidades da cultura. As adubações foram realizadas bissemanalmente com base na análise de solo e recomendações para a cultura (Ribeiro, 1999).

O experimento foi realizado de junho de 2014 a novembro de 2014. O delineamento experimental adotado foi blocos casualizados, com três repetições, as

parcelas foram constituídas de uma linha com sete plantas para os progenitores e duas linhas com quinze plantas cada para a geração F<sub>2</sub>, espaçadas a 1,2 metros entre linhas e 0,5 metros entre plantas.

### **Características Avaliadas**

Aos 135 DAE foram selecionados um fruto do segundo ou terceiro cacho de cada planta da parcela (IPGRI, 1996) para determinação da qualidade industrial dos frutos. Primeiramente foi avaliada a firmeza (N) em cada fruto da parcela com penetrômetro digital *SoilControl* modelo *PDF-200*. Posteriormente um quarto de todos os frutos da parcela foram triturados em liquidificador para determinação das demais características, em triplicata: sólidos solúveis totais (SST) (°Brix), em refratômetro digital *Hanna* modelo *HI-96801*; pH, em pHmetro *Tecnopon* modelo *mPA-210*; acidez titulável (cmol L<sup>-1</sup>) (Zenebon et al., 2008) e consistência da polpa, em consistômetro de *Bostwick* (cm/30s) (USDA, 1994). Com base na média da parcela para produção por planta e teor de SST calculou-se o rendimento de polpa a partir da equação  $RP = [(produção\ por\ planta \times 0,95) \times \text{°Brix da polpa}] / 28$  (kg planta<sup>-1</sup>) (Clemente e Boiteux, 2012). Uma amostra da polpa foi congelada (-20°C) para determinação do teor de licopeno. A extração de carotenoides foi realizada com base nos procedimentos descritos por Rodriguez-Amaya (2001), com algumas adaptações. O teor de licopeno foi determinado com espectrofotômetro *Bel Photonics* modelo *SP-1105*.

### **Capacidade Combinatória**

As estimativas dos parâmetros de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram obtidas pela análise dialélica parcial (Geraldini e Miranda Filho, 1988, adaptado de Griffing, 1956), segundo o modelo estatístico:  $Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$ , em que:  $Y_{ij}$  é a média do cruzamento envolvendo o i-ésimo progenitor de grupo 1 e o j-ésimo progenitor do grupo 2;  $\mu$  é a média geral;  $d_1$  e  $d_2$  são os contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2 e a média geral, respectivamente;  $g_i$  é o efeito da CGC do i-ésimo progenitor do grupo 1;  $g'_j$  é o efeito da CGC do j-ésimo progenitor do grupo 2;  $s_{ij}$  é o efeito da CEC entre progenitores de ordem i e j, dos grupos 1 e 2, respectivamente; e  $\varepsilon_{ij}$  é o erro experimental médio. Também foi estimado o coeficiente de correlação de Pearson

entre os efeitos de  $g_i$  e  $g_j$  para as características acima citadas, incluindo produção por planta (Capítulo II). As análises foram realizadas com o aplicativo computacional em genética e estatística Genes versão 2013.1.1 (Cruz, 2013).

## RESULTADOS

### Análise de Variância

Houve efeito significativo de tratamento sobre todas as características avaliadas (Tabelas 1 e 2), ou seja, existem diferenças genéticas entre os progenitores dos grupos 1 e 2 e as plantas da geração  $F_2$ . Houve efeito significativo de grupo sobre todas as características avaliadas (Tabelas 1 e 2).

As estimativas da CGC para os progenitores do grupo 1 foram significativas para as características de rendimento de polpa, pH, consistência da polpa e teor de licopeno (Tabelas 1 e 2). No grupo 2, as estimativas da CGC foram significativas para todas as características avaliadas, com exceção da consistência da polpa (Tabelas 1 e 2). Houve efeito significativo da CEC para as características SST, firmeza de polpa (Tabela 1) e consistência da polpa (Tabela 2).

**TABELA 1.** Resumo da análise de variância, estimativas dos quadrados médios das análises de variância da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação às características de sólidos solúveis totais (SST), rendimento de polpa (Rendimento) e firmeza do fruto (Firmeza). Viçosa, MG, 2014.

| Fonte de Variação | GL | SST<br>(°Brix)     | Rendimento<br>(kg planta <sup>-1</sup> ) | Firmeza<br>(N)      |
|-------------------|----|--------------------|--|---------------------|
| Tratamento        | 43 | 0,65**             | 0,06**                                   | 127,42**            |
| Grupo             | 1  | 17,64**            | 2,07**                                   | 4420,38**           |
| CGC 1             | 3  | 0,04 <sup>ns</sup> | 0,04**                                   | 30,42 <sup>ns</sup> |
| CGC 2             | 7  | 0,62**             | 0,02**                                   | 30,18*              |
| CEC 1x2           | 32 | 0,18**             | 0,01 <sup>ns</sup>                       | 23,63*              |
| Resíduo           | 86 | 0,07               | 0,01                                     | 13,15               |
| Média 1           |    | 4,02               | 0,20                                     | 7,75                |
| Média 2           |    | 5,29               | 0,66                                     | 27,72               |
| Média $F_2$       |    | 4,35               | 0,37                                     | 12,66               |
| Mín $F_2$         |    | 3,40               | 0,20                                     | 1,05 <sup>1</sup>   |
| Máx $F_2$         |    | 5,10               | 0,51                                     | 61,50 <sup>2</sup>  |
| CV (%)            |    | 6,00               | 17,52                                    | 24,25               |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente. Média: valor médio da parcela. Mín  $F_2$ : menor valor observado por parcela na população  $F_2$ . Máx  $F_2$ : maior valor observado por parcela na população  $F_2$ . <sup>1</sup>menor valor observado por planta na população  $F_2$ . <sup>2</sup>maior valor observado por planta na população  $F_2$ . CV: coeficiente de variação.

**TABELA 2.** Resumo da análise de variância, estimativas dos quadrados médios das análises de variância da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação às características de pH, acidez titulável (AT), consistência da polpa (Consistência) e teor de licopeno (Licopeno). Viçosa, MG, 2014.

| Fonte de Variação    | GL | pH                 | AT<br>(cmol L <sup>-1</sup> ) | Consistência<br>(cm 30s <sup>-1</sup> ) | Licopeno<br>(µg g <sup>-1</sup> ) |
|----------------------|----|--------------------|-------------------------------|---|-----------------------------------|
| Tratamento           | 43 | 0,02**             | 0,81*                         | 2902,78**                               | 1202,35**                         |
| Grupo                | 1  | 0,14**             | 5,35**                        | 88828,23**                              | 26085,92**                        |
| CGC 1                | 3  | 0,03**             | 0,28 <sup>ns</sup>            | 4083,50**                               | 1075,10*                          |
| CGC 2                | 7  | 0,03**             | 1,73**                        | 351,53 <sup>ns</sup>                    | 1243,00**                         |
| CEC 1x2              | 32 | 0,01 <sup>ns</sup> | 0,51 <sup>ns</sup>            | 665,00**                                | 427,77 <sup>ns</sup>              |
| Resíduo              | 86 | 0,01               | 0,46                          | 292,78                                  | 274,50                            |
| Média 1              |    | 4,45               | 4,28                          | 184,92                                  | 45,57                             |
| Média 2              |    | 4,31               | 5,01                          | 73,34                                   | 97,18                             |
| Média F <sub>2</sub> |    | 4,35               | 4,54                          | 107,74                                  | 65,25                             |
| Mín F <sub>2</sub>   |    | 4,12               | 3,10                          | 48,00                                   | 32,13                             |
| Máx F <sub>2</sub>   |    | 4,60               | 5,79                          | 161,33                                  | 115,65                            |
| CV (%)               |    | 2,01               | 14,80                         | 15,77                                   | 1,06                              |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente. Média: valor médio da parcela. Mín F<sub>2</sub>: menor valor observado por parcela na população F<sub>2</sub>. Máx F<sub>2</sub>: maior valor observado por parcela na população F<sub>2</sub>. CV: coeficiente de variação.

### Sólidos solúveis totais

Não houve efeito significativo para a estimativa da CGC do grupo 1. Foram observadas estimativas positivas e significativas da CGC para os progenitores H-9889 e H-9992 do grupo 2. A maior estimativa da CEC foi da combinação híbrida BGH-1989/H-9553. Apesar da superioridade dos progenitores H-9553 e H-9992 (grupo 2) com relação a CGC, não foi possível identificar uma combinação híbrida com estimativa positiva da CEC que envolvam estes progenitores (Tabela 3).

### Rendimento de polpa

Estimativas positivas e significativas da CGC foram observadas para os progenitores BGH-2006 do grupo 1 e HMX-7889 e H-9992 do grupo 2. Não houve efeito significativo para a estimativa da CEC (Tabela 4).

### Firmeza

Não houve efeito significativo para a estimativa da CGC do grupo 1. A maior estimativa da CGC foi do progenitor N-901 do grupo 2. A maior estimativa da CEC foi observada para a combinação híbrida BGH-1989/UG-8169. A superioridade do



progenitor N-901 com base na CGC, associado à alta estimativa da CEC, pôde-se identificar a combinação híbrida BGH-2077/N-901 por possuir alelos favoráveis e complementares ao aumento da firmeza da polpa (Tabela 5).

**TABELA 3.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica sólidos solúveis totais. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |                      |                      |                      | CGC 2                |
|------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|----------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006             | BGH-2077             | BGH-2086             |                      |
| UG-8169    | -0,003 <sup>ns</sup> | -0,042 <sup>ns</sup> | 0,058*               | 0,076**              | -0,005 <sup>ns</sup> |
| HMX-7889   | -0,194**             | -0,299**             | 0,151**              | 0,058*               | 0,002 <sup>ns</sup>  |
| H-9553     | 0,298**              | -0,157**             | -0,290**             | -0,233**             | -0,156**             |
| AP-533     | 0,260**              | 0,172**              | 0,038 <sup>ns</sup>  | -0,033 <sup>ns</sup> | -0,285**             |
| H-9992     | -0,262**             | -0,101**             | -0,017 <sup>ns</sup> | -0,127**             | 0,171**              |
| H-9889     | -0,256**             | -0,178**             | -0,145**             | -0,188**             | 0,198**              |
| N-901      | -0,077**             | -0,015 <sup>ns</sup> | -0,165**             | -0,358**             | -0,015 <sup>ns</sup> |
| U-2006     | -0,231**             | -0,103**             | 0,047 <sup>ns</sup>  | -0,113**             | 0,090 <sup>ns</sup>  |
| CGC 1      | -0,019               | 0,020                | 0,036                | -0,037               |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

**TABELA 4.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica rendimento de polpa. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |          |                     |          | CGC 2                |
|------------|----------------------|----------|---------------------|----------|----------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006 | BGH-2077            | BGH-2086 |                      |
| UG-8169    | -0,006               | -0,056   | 0,018               | -0,007   | -0,027**             |
| HMX-7889   | -0,018               | -0,034   | 0,034               | -0,016   | 0,043**              |
| H-9553     | 0,007                | 0,027    | -0,053              | -0,049   | -0,004 <sup>ns</sup> |
| AP-533     | -0,022               | -0,015   | 0,008               | -0,042   | -0,021 <sup>ns</sup> |
| H-9992     | -0,017               | -0,075   | -0,018              | -0,011   | 0,039**              |
| H-9889     | -0,042               | 0,007    | -0,028              | 0,017    | -0,021 <sup>ns</sup> |
| N-901      | 0,002                | -0,002   | -0,032              | -0,041   | 0,016 <sup>ns</sup>  |
| U-2006     | -0,041               | 0,030    | 0,010               | -0,063   | -0,025 <sup>ns</sup> |
| CGC 1      | -0,019 <sup>ns</sup> | 0,045**  | 0,005 <sup>ns</sup> | -0,031** |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### pH e acidez titulável

As estimativas de maior magnitude em sentido negativo da CGC foram observadas nos progenitores BGH-1989 e HMX-7889 dos grupos 1 e 2, respectivamente, para pH (Tabela 6). Com relação à característica acidez titulável, a maior estimativa da CGC do grupo 2 foi observada no progenitor U-2006 (Tabela 7).

Em ambas as características não houve efeito significativo para a estimativa da CEC (Tabelas 6 e 7).

**TABELA 5.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica firmeza do fruto. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |          |          |                      | CGC 2                |
|------------|----------------------|----------|----------|----------------------|----------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006 | BGH-2077 | BGH-2086             |                      |
| UG-8169    | 1,538**              | -0,685*  | -2,131** | -1,736**             | 0,075 <sup>ns</sup>  |
| HMX-7889   | -1,840**             | -1,958** | -0,760*  | -0,708*              | -1,176 <sup>ns</sup> |
| H-9553     | 0,835*               | -1,537** | -1,668** | -0,893**             | -0,468 <sup>ns</sup> |
| AP-533     | -1,374**             | -1,560** | -1,320** | -0,198 <sup>ns</sup> | -1,254 <sup>ns</sup> |
| H-9992     | -0,060 <sup>ns</sup> | -2,028** | -2,202** | -0,785*              | 1,303 <sup>ns</sup>  |
| H-9889     | -2,439**             | -1,163** | -1,380** | -2,948**             | 1,094 <sup>ns</sup>  |
| N-901      | -1,402**             | -1,862** | 1,499**  | -1,532**             | 1,361*               |
| U-2006     | -2,848**             | -1,477** | -1,869** | -2,107**             | -0,935 <sup>ns</sup> |
| CGC 1      | -1,006               | -0,338   | 0,170    | 1,175                |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

**TABELA 6.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica pH. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC      |          |                      |                     | CGC 2                |
|------------|----------|----------|----------------------|---------------------|----------------------|
|            | BGH-1989 | BGH-2006 | BGH-2077             | BGH-2086            |                      |
| UG-8169    | -0,025   | -0,062   | 0,008                | 0,009               | -0,010 <sup>ns</sup> |
| HMX-7889   | 0,032    | -0,088   | -0,009               | -0,082              | -0,064**             |
| H-9553     | -0,032   | 0,033    | 0,065                | -0,061              | 0,009 <sup>ns</sup>  |
| AP-533     | 0,017    | -0,020   | -0,006               | 0,008               | 0,052**              |
| H-9992     | 0,029    | -0,070   | -0,024               | 0,027               | -0,010 <sup>ns</sup> |
| H-9889     | 0,032    | 0,036    | -0,107               | -0,048              | 0,016 <sup>ns</sup>  |
| N-901      | 0,023    | -0,008   | 0,062                | 0,068               | 0,014 <sup>ns</sup>  |
| U-2006     | 0,038    | -0,035   | -0,038               | 0,055               | -0,006 <sup>ns</sup> |
| CGC 1      | -0,027*  | 0,044**  | -0,017 <sup>ns</sup> | 0,000 <sup>ns</sup> |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Consistência da polpa

A estimativa de maior magnitude em sentido negativo da CGC foi do progenitor BGH-2077 do grupo 1. Não houve efeito significativo para a estimativa da CGC do grupo 2. As estimativas de maior magnitude em sentido negativo da CEC foram observadas nas combinações híbridas BGH-2086/AP-533 e BGH-2077/UG-8169. Esta última combinação híbrida também possui estimativa de alta magnitude em sentido negativo para CGC para o progenitor BGH-2077 do grupo 1, indicado,

portanto, por possuir alelos favoráveis e complementares para a redução do tempo de escoamento da polpa, ou seja, maior consistência da polpa (Tabela 8).

**TABELA 7.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica acidez titulável. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC      |          |          |          | CGC 2                |
|------------|----------|----------|----------|----------|----------------------|
|            | BGH-1989 | BGH-2006 | BGH-2077 | BGH-2086 |                      |
| UG-8169    | -0,351   | 0,348    | 0,407    | -0,191   | 0,105 <sup>ns</sup>  |
| HMX-7889   | 0,334    | 0,714    | -0,305   | 0,517    | -0,064 <sup>ns</sup> |
| H-9553     | 0,161    | -0,037   | 0,204    | -0,027   | -0,195 <sup>ns</sup> |
| AP-533     | 0,503    | -0,355   | -0,143   | 0,227    | -0,420**             |
| H-9992     | -0,669   | 0,386    | 0,140    | -0,280   | 0,291*               |
| H-9889     | -0,321   | -0,061   | -0,317   | 0,086    | 0,097 <sup>ns</sup>  |
| N-901      | -0,474   | 0,020    | 0,207    | -0,578   | -0,193 <sup>ns</sup> |
| U-2006     | -0,320   | -0,031   | -0,553   | -0,077   | 0,379**              |
| CGC 1      | 0,101    | -0,050   | 0,042    | -0,093   |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Licopeno

As maiores estimativas da CGC foram do progenitor BGH-2006 do grupo 1 e dos progenitores H-9992 e N-091 do grupo 2. Não houve efeito significativo para a estimativa da CEC (Tabela 9).

**TABELA 8.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica consistência da polpa. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |                     |                      |                      | CGC 2  |
|------------|----------------------|---------------------|----------------------|----------------------|--------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006            | BGH-2077             | BGH-2086             |        |
| UG-8169    | 5,187**              | -4,162**            | -24,335**            | 9,417**              | -3,837 |
| HMX-7889   | -3,761*              | -5,443**            | -6,644**             | -3,642*              | 0,000  |
| H-9553     | -5,844**             | -5,026**            | -12,367**            | 14,636**             | 1,861  |
| AP-533     | -0,785 <sup>ns</sup> | -7,190**            | -5,696**             | -24,666**            | 6,191  |
| H-9992     | 2,309 <sup>ns</sup>  | -4,207**            | 4,509**              | -21,878**            | -4,847 |
| H-9889     | 2,201 <sup>ns</sup>  | -16,981**           | 6,512**              | -13,625**            | -2,629 |
| N-901      | -21,561**            | 6,056**             | -17,923**            | 5,385**              | -0,638 |
| U-2006     | -16,882**            | -4,065*             | -0,377 <sup>ns</sup> | -0,236 <sup>ns</sup> | 3,899  |
| CGC 1      | 3,451 <sup>ns</sup>  | 1,911 <sup>ns</sup> | -15,138**            | 9,777**              |        |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

**TABELA 9.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica teor de licopeno. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor | CEC                  |          |                     |          | CGC 2                |
|------------|----------------------|----------|---------------------|----------|----------------------|
|            | BGH-1989             | BGH-2006 | BGH-2077            | BGH-2086 |                      |
| UG-8169    | 4,354                | 7,707    | 2,101               | 6,066    | 0,211 <sup>ns</sup>  |
| HMX-7889   | -4,382               | -9,478   | 3,373               | -5,090   | -6,280*              |
| H-9553     | -4,834               | -3,305   | -0,477              | -7,340   | 2,460 <sup>ns</sup>  |
| AP-533     | 12,111               | -8,779   | -0,502              | 11,618   | -12,350**            |
| H-9992     | -10,304              | -11,484  | -17,214             | -2,196   | 9,289**              |
| H-9889     | -17,730              | -15,298  | 15,303              | -17,067  | 2,585 <sup>ns</sup>  |
| N-901      | 2,959                | 4,375    | -13,710             | -6,824   | 7,663*               |
| U-2006     | 8,237                | 15,032   | 4,448               | 9,369    | -3,577 <sup>ns</sup> |
| CGC 1      | -3,636 <sup>ns</sup> | 6,111*   | 3,003 <sup>ns</sup> | -5,478*  |                      |

<sup>ns</sup> não significativo. \* e \*\* significativo a 5 e 1% de probabilidade pelo Teste F, respectivamente.

### Correlações

Considerando as estimativas da CGC do grupo 1, houve correlação positiva e superior a 0,70 entre as características produção por planta, SST e rendimento de polpa. Destacou-se a correlação igual a 1,00 entre produção e rendimento de polpa. No grupo 2, houve correlação alta entre produção por planta e rendimento de polpa (Tabela 10).

**TABELA 10.** Estimativas de correlações genéticas entre os caracteres produção por planta (Planta), sólidos solúveis totais (SST), rendimento de polpa (RP), firmeza do fruto (Firmeza), pH, acidez titulável (AT), consistência da polpa (Consist) e teor de licopeno (Licopeno), no grupo 1 (acima da diagonal) e grupo 2 de progenitores (abaixo da diagonal). Viçosa, MG, 2014.

|          | Produção | SST   | RP    | Firmeza | pH    | AT    | Consist | Licopeno |
|----------|----------|-------|-------|---------|-------|-------|---------|----------|
| Produção |          | 0,71  | 1,00  | -0,32   | 0,80  | -0,18 | -0,26   | 0,94     |
| SST      | -0,40    |       | 0,76  | -0,27   | 0,23  | 0,23  | -0,87   | 0,90     |
| RP       | 0,81     | 0,21  |       | -0,34   | 0,76  | -0,12 | -0,34   | 0,96     |
| Firmeza  | -0,18    | 0,60  | 0,22  |         | 0,11  | -0,77 | 0,16    | -0,29    |
| pH       | -0,29    | -0,42 | -0,59 | 0,14    |       | -0,69 | 0,25    | 0,61     |
| AT       | -0,51    | 0,84  | 0,02  | 0,27    | -0,44 |       | -0,46   | -0,03    |
| Consist  | 0,10     | -0,70 | -0,36 | -0,75   | 0,40  | -0,48 |         | -0,57    |
| Licopeno | -0,08    | 0,59  | 0,34  | 0,89    | -0,08 | 0,39  | -0,74   |          |

Com base nas estimativas da CGC, a característica consistência da polpa correlacionou-se negativamente com a característica SST no grupo 1 e com as características SST e firmeza de fruto no grupo 2 (Tabela 10).

Observou-se correlação superior a 0,90 para as estimativas da CGC do grupo 1 do teor de licopeno com as características produção por planta, SST e rendimento de polpa. No grupo 2, as estimativas da CGC do teor de licopeno correlacionaram-se positiva e negativamente com as características firmeza e consistência da polpa, respectivamente (Tabela 10).

## DISCUSSÃO

O efeito significativo de tratamentos indicou que houve diferença entre os genótipos para todas as características avaliadas, ou seja, é possível selecionar genótipos superiores. O mesmo pôde ser observado para grupo (Tabelas 1 e 2). A diferença entre grupos foi esperada, visto que se tratou de grupos bastante contrastantes com relação à qualidade de frutos. Esses resultados são corroborados pelas médias favoráveis do grupo 2 em relação ao grupo 1, para todas as características (Tabelas 1 e 2). Lembrando que se procura aumentar os valores de SST, rendimento de polpa, firmeza de polpa, acidez titulável e teor de licopeno e reduzir os valores de pH e consistência da polpa. A superioridade dos progenitores do grupo 2 ficou evidente com a característica firmeza do fruto, pois a média do grupo 2 foi 258% superior à média do grupo 1 (Tabela 1). Este resultado indica a importância dos alelos presentes nos híbridos comerciais para obter ganhos com qualidade de frutos. Por outro lado os progenitores do grupo 1 contribuíram negativamente com a qualidade dos frutos (Tabelas 1 e 2).

Observou-se a predominância de efeitos não aditivos para SST, indicando que os grupos possuem alelos complementares, mas deve-se destacar que as estimativas da CEC foram em geral negativas (Tabela 1). Mesmo assim, mais da metade das combinações híbridas apresentaram média do teor de SST superiores ao pior híbrido comercial (Tabela 5, capítulo IV), indicando que é possível obter ganhos para SST utilizando acessos de tomate. Os progenitores mais indicados para aumentar os SST com base na CGC foram H-9889 e H-9992 do grupo 2 (Tabela 3).

Corroborando com os resultados aqui apresentados, na literatura foi descrito a presença de efeitos aditivos e não aditivos para SST (Hannan et al., 2007) com

predomínio de efeitos não aditivos (El-Gabry et al., 2014). E atribui-se aos desvios de dominância os efeitos causados em teores de SST (Solieman et al., 2013). A variação no teor de SST entre diferentes genótipos é esperada, pois há diversos fatores que influenciam o acúmulo de SST nos frutos, dentre os quais está a diferença na capacidade dos genótipos exportarem fotoassimilados para os frutos (Young et al., 1993).

Controlados por fatores genéticos e ambientais, os mecanismos fisiológicos que regem a partição de biomassa são difundidos e compartilhados por vários processos em diferentes partes da planta (Farrar e Jones, 2000; Yang e Midmore, 2009). Mecanismos de sinalização associadas à disponibilidade adequada de água promovem expansão celular que alteram o tamanho dos frutos (Mingo et al., 2003), e juntamente com o número de frutos por planta influenciam o rendimento pela alteração do potencial de dreno de fotoassimilados (Ho, 1996). Por outro lado, a redução do fluxo de água para o fruto causa redução do tamanho dos frutos e conseqüentemente menor produção, mas aumenta a concentração de sólidos solúveis (Cahn et al., 2001; Cahn et al., 2003; Ho et al., 1987; Wu e Kubota, 2008). Este é possivelmente o motivo pelo qual houve correlação negativa entre as estimativas da CGC da produção por planta e teor de SST no grupo 2 (Tabela 10).

Por outro lado, foi observada correlação positiva de alta magnitude entre as estimativas da CGC da produção por planta e teor de SST no grupo 1 (Tabela 10). Resultado similar foi encontrado em estudo que objetivou a piramidação de genes envolvidos na qualidade nutricional do tomate utilizando o tomateiro anão Micro-Tom, onde foi possível aumentar o teor de SST e ainda obter incremento em rendimento (Sestari et al., 2014). Isto evidencia que o arrasto de genes indesejáveis causados pela ligação gênica em sentido desfavorável entre ambas as características (Canady et al., 2005), pode ser contornada.

A significância da soma de quadrados da CGC de ambos os grupos para a variável rendimento de polpa indicou que os efeitos aditivos controlam a característica (Tabela 1). Resultado parecido ao encontrado em produção por planta (Tabela 1, capítulo II). Isto porque o cálculo para obtenção da estimativa do rendimento de polpa considera as variáveis produção e teor de SST, mas como a variável produção possui peso maior no cálculo, os resultados encontrados aproximam-se mais dos resultados observados na produção por planta (Tabela 3, capítulo II). Todavia, a média da geração F<sub>2</sub> para produção por planta foi superior à

média dos progenitores do grupo 1 (Tabela 1, capítulo II) e a média da geração F<sub>2</sub> para rendimento de polpa foi inferior à média dos progenitores do grupo 1 (Tabela 1), isto indica que o efeito não aditivo da variável SST também influenciou o rendimento de polpa.

As relações entre as variáveis produção por planta, SST e rendimento de polpa evidenciam o que foi discutido acima (Tabela 10). Os mesmos progenitores indicados para compor a população base nas características produção por planta e SST, também podem ser indicadas para rendimento de polpa, BGH-2006 do grupo 1 e HMX-7889 e H-9992 do grupo 2 (Tabela 4).

Para firmeza do fruto, a superioridade da média dos progenitores do grupo 2 em relação ao grupo 1 sugere a predominância de alelos favoráveis nos progenitores do grupo 2 (Tabela 1). Bem como, a soma de quadrados da CGC significativa apenas do grupo 2 indica que é possível selecionar genótipos superiores utilizando o progenitor N-901 (Tabela 5). Assim, mesmo que a soma de quadrados da CEC também foi significativa, deve ser preconizada a recuperação dos alelos dos progenitores do grupo 2 por meio de retrocruzamentos, para recuperar ou superar os níveis de firmeza encontrados nos progenitores do grupo 2 (Tabela 1).

A soma de quadrados significativas apenas para CGC nas características pH e acidez titulável, em ambos os grupos (exceto da CGC do grupo 1 para acidez titulável), indica a predominância de efeitos aditivos no controle das características.

A menor e a maior média para pH e acidez titulável, respectivamente, indicam a maior contribuição dos alelos dos progenitores do grupo 2 para favorecer a acidificação da polpa (Tabela 2). Vale lembrar que, é indicado que o pH do tomate seja inferior a 4,5 para evitar a proliferação de microrganismos e diminuir o período de esterilização da matéria-prima (Monteiro et al., 2008). Desta forma, os progenitores do grupo 1 podem fornecer alelos favoráveis para a característica (Tabela 1). Com base nas estimativas da CGC do pH e da acidez titulável, puderam ser indicados os progenitores BGH-1989 do grupo 1 e HMX-7889 e U-2006 do grupo 2 para aumentar a frequência de alelos favoráveis para promover a acidificação da polpa (Tabelas 6 e 7). Apesar de estarem relacionadas com a acidificação da polpa, não foram observadas altas correlações entre pH e acidez titulável nas estimativas da CGC de ambos os grupos (Tabela 10), provavelmente os genes envolvidos nos mecanismos de acidificação não são os mesmos.

A média do grupo 2 para a distância percorrida pela polpa em 30 segundos foi 60,3% menor que a média do grupo 1, o que significa maior consistência da polpa do grupo 2 (Tabela 2). Também, a soma de quadrados da CGC do grupo 2 não foi significância (Tabela 2), indicando que não houve diferença entre os progenitores deste grupo para esta característica. Assim, conclui-se que qualquer progenitor do grupo 2 contribui com alelos favoráveis para o aumento da consistência da polpa, porque é uma característica importante no processamento do tomate e intensamente selecionada em programas de melhoramento. Ainda, a predominância de efeitos não aditivos no controle da característica indica que ganhos maiores podem ser obtidos em combinações híbridas, para isso deve ser utilizado a combinação da estimativa da CEC de maior magnitude em sentido negativo, BGH-2077/UG-8169, cujo progenitor BGH-2077 também possui a menor estimativa da CGC (Tabela 8).

Observou-se correlação negativa de alta magnitude entre as estimativas da CGC da consistência da polpa e SST no grupo 1, e entre consistência da polpa e firmeza da polpa no grupo 2 (Tabela 10), indicando que pode haver pleiotropia, ou seja, os genes que condicionaram o aumento do teor de SST e da firmeza influenciaram a redução do tempo de escorrimento.

A significância da soma de quadrados apenas para CGC sugere que efeitos aditivos controlam o teor de licopeno (Tabela 2). E a média dos progenitores do grupo 2 é em torno de 2 vezes superior à média dos progenitores do grupo 1, indica que a formação de população base deve ser com base nos progenitores H-9992 e N-901 do grupo 2, para contribuir com alelos favoráveis para aumento do teor de licopeno (Tabela 9).

A alta correlação observada do teor de licopeno com produção por planta, SST e rendimento de polpa no grupo 1, indica que a seleção do progenitor BGH-2006 pode contribuir com alelos favoráveis para as características importantes do tomate industrial.

Por fim, não foi possível identificar combinações híbridas que favoreçam todas as características simultaneamente. Na literatura já foi afirmado que não é possível com apenas uma combinação incrementar todos os caracteres de qualidade de frutos de forma eficiente (Solieman et al., 2013). De modo geral, notou-se que o progenitor BGH-2006 foi superior aos demais progenitores para maioria das características, indicando a sua contribuição com possíveis alelos favoráveis.



Entretanto, deve-se ter cuidado, visto que os progenitores do grupo 1 foram inferiores aos progenitores do grupo 2 nas características de qualidade dos frutos.

Como não houve consenso na seleção das melhores combinações híbridas que favoreçam todas as características relacionadas à qualidade dos frutos, pode ser indicada a utilização de índice de seleção. Com os índices de seleção cria-se um valor numérico que funciona como um carácter adicional, teórico, resultante da combinação de determinados caracteres escolhidos pelo melhorista, sobre a qual se deseja se exercer a seleção simultânea (Cruz et al., 2012).

## **CONCLUSÃO**

Acessos de tomate de fenótipo anão utilizados neste estudo contribuem basicamente com o gene de nanismo para obtenção de populações de plantas de fenótipo anão, devendo os alelos relacionados com a qualidade dos frutos serem selecionados a partir de genótipos melhorados.

Mesmo assim, com base na capacidade geral de combinação, BGH-2006 é o acesso mais promissor para ser utilizado como progenitor para incremento em rendimento de polpa e teor de licopeno, BGH-2077 como progenitor para aumentar a consistência da polpa e BGH-1989 como progenitor para reduzir o pH.

## **CAPÍTULO IV**

### **EFICÁCIA DA ANÁLISE DE DIVERGÊNCIA GENÉTICA NO PRÉ- MELHORAMENTO DE TOMATE INDUSTRIAL**

## RESUMO

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2015. **Eficácia da análise de divergência genética no pré-melhoramento de tomate industrial.** Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Adriano Nunes Nesi e Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

A seleção dos progenitores para o uso em programa de melhoramento de plantas é uma das decisões mais importantes para um melhorista. O método de seleção de progenitores deve ser eficiente e prover ganhos em cruzamentos. O objetivo foi avaliar a eficácia da análise de diversidade genética na seleção de progenitores, pela sua relação com a capacidade combinatória e utilizando genótipos contrastantes de tomate. O delineamento experimental adotado foi blocos casualizados com três repetições, utilizou-se progenitores e geração  $F_2$  (apenas plantas de fenótipo anão) provinda de cruzamento dialélico parcial entre quatro acessos de fenótipo anão e oito híbridos comerciais de tomate industrial. Foram avaliados 24 variáveis morfoagronômicas além de duas características principais, produção e sólidos solúveis totais. Para estimar a divergência genética foram selecionadas variáveis que possuem relação com a característica principal pela correlação fenotípica, genotípica, método de stepwise e análise de trilha. Foram determinadas as estimativas dos efeitos de capacidade geral e específica de combinação, médias dos progenitores e geração  $F_2$ , heterose, distância genética e distância genética média. Com os resultado observou-se que a seleção de progenitores com base na distância genética não é eficiente, mas a utilização da diversidade genética como método de seleção de progenitores pode ser viável com a utilização da distância genética média entre progenitores de grupos contrastantes. Também se notou que a estimação da divergência genética utilizando variáveis relacionadas com a característica principal é mais eficaz do que a utilização de todas as variáveis na seleção de progenitores.

**Palavras-chave:** seleção de progenitor; distância genética; dialelo; desempenho *per se*; seleção de variáveis.

## ABSTRACT

SEUS, Rogério, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2015. **Effectiveness of genetic divergence analysis in the pre-breeding of processing tomato.** Adviser: Derly José Henriques da Silva. Co-advisers: Adriano Nunes Nesi and Pedro Crescêncio Souza Carneiro.

The parental selection for use in plant breeding program is one of the most important decisions for a breeder. The parental selection method should be efficient and provide gains in cross. The objective was to evaluate the efficacy of genetic diversity analysis in parental selection, for the relationship with the combining ability and using contrasting genotypes of tomato. The experimental design was a randomized block design with three replications, was used parents and F<sub>2</sub> generation (only dwarf phenotype plants) stemmed partial diallel cross of four dwarf phenotype access and eight commercial hybrids of processing tomato. We evaluated 24 agronomic variables and two main characteristics, production and total soluble solids. To estimate the genetic divergence variables were selected that are related to the main feature of the phenotypic correlation, genotypic, stepwise method and path analysis. They determined the estimates of the effects of general and specific combining ability, averages of parents and F<sub>2</sub> generation, heterosis, genetic distance and average genetic distance. With the results it was observed that the parental selection based on genetic distance is not effective, but the use of genetic diversity as parental selection method may be feasible with the use of the average genetic distance between the parents of contrasting groups. It was also noted that the estimation of genetic diversity using variables related with the main characteristics is more effective than the use of all variables in the parental selection.

**Keywords:** parental selection; genetic distance; diallel; *per se* performance; variables selection.

## INTRODUÇÃO

O sucesso de um programa de melhoramento depende crucialmente da escolha dos progenitores, de forma a obter populações com uma alta média associada a grande variabilidade para os caracteres sob seleção (Fehr, 1987). Com o conhecimento prévio do potencial genético, é possível concentrar esforços em progenitores superiores e aumentar a probabilidade de sucesso do programa de melhoramento evitando a perda de tempo e recursos financeiros.

A análise dialélica é o método mais utilizado para escolha de progenitores. Os parâmetros de capacidade geral e específica de combinação proporcionam entendimento da ação dos genes envolvidos na determinação dos caracteres e da existência de heterose (Cruz et al., 2012). Contudo, além da avaliação dos progenitores, a análise dialélica necessita de avaliação de todas as combinações híbridas, o que demanda recursos, tempo e mão de obra qualificada adicional, impossibilitando o uso de número elevado de progenitores e reduzindo a capacidade de avaliação dos programas de melhoramento. Desta forma, o desenvolvimento de métodos preditivos rápidos e que sejam eficientes na seleção de progenitores é de fundamental importância.

Programas de melhoramento de autógamas utilizam o desempenho *per se* para a escolha dos progenitores (Ramalho et al., 2012). Isto é possível, pois a predição com base no desempenho *per se* é fundamentada na ação aditiva dos alelos (Antunes et al., 1998). Já a estatística multivariada é uma importante ferramenta para estimar a divergência genética e também auxiliar na escolha de progenitores (Fonseca et al., 2006; Moreira et al., 2009), pois possibilita identificar progenitores geneticamente divergentes, que, ao serem cruzados, poderão obter populações com maior variabilidade e com maior probabilidade de recuperação de genótipos superiores (Cruz et al., 2012).

Genótipos de tomateiro silvestres podem ser utilizados para enriquecer a base genética das variedades de tomateiro cultivadas (Meng et al., 2010), inclusive selecionar e desenvolver variedades de alto rendimento e de qualidade dos frutos (Cebolla-Cornejo et al., 2013; Corrado et al., 2014). Estudo com acessos de tomate do grupo salada do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV) verificou que acessos foram geneticamente divergentes e ainda obteve-se ganhos com a seleção (Mattedi et al., 2014). Além disso, em um estudo

utilizando germoplasma nativo e cultivares modernas de *Medicago sativa* ssp., os autores identificaram que a distinção genética entre alelos das variedades nativas e cultivares modernas poderiam ser complementadas (Maureira et al., 2004). Logo, existe variabilidade genética dentro e entre germoplasmas, sendo importante buscar alternativas preditivas que selecionem progenitores de forma eficiente para obter ganhos em cruzamentos.

A divergência genética entre grupos de progenitores tem por objetivo identificar combinações híbridas de maior efeito heterótico (Cruz et al., 2012). Na análise de divergência genética baseada em dissimilaridade entre progenitores, a utilização de diversas variáveis resultará em estimativas de distância genética entre progenitores em âmbito geral, referindo-se simplesmente a distância genética, sem indicar para qual característica ocorrerá à heterose. Isto porque grande parte das variáveis não possui relação direta com a característica de interesse. Logo, a compreensão da contribuição relativa das várias características pode desempenhar um papel significativo na identificação de genótipos de alto potencial em populações geneticamente variáveis, fornecendo informações sobre a seleção indireta para a característica sob seleção (Singh, 1993).

O objetivo foi avaliar a eficácia da análise de diversidade genética na seleção de progenitores mediante a relação com a capacidade combinatória, utilizando acessos de tomate de fenótipo anão e híbridos comerciais de tomate industrial como genótipos contrastantes.

## **MATERIAL E MÉTODOS**

### **Material vegetal e condições de cultivo**

Doze progenitores e 32 cruzamentos de tomate foram avaliados quanto à produção, características morfoagronômicas e qualidade industrial dos frutos. O experimento foi conduzido no campo experimental 'Horta Velha' da UFV no município de Viçosa, Minas Gerais (20°45'14" latitude Sul, 42°52'53" longitude Oeste e 648 metros de altitude). A cultura foi conduzida de forma rasteira (sem tutoramento) com irrigação por gotejamento, tratos culturais e fitossanitários realizados segundo as necessidades da cultura (Clemente e Boiteux, 2012). As adubações foram realizadas bissemanalmente com base na análise de solo e recomendações para a cultura (Ribeiro, 1999).

Foram utilizados acessos de tomate de fenótipo anão selecionados por sua morfologia compacta, distância entrenós reduzida e ereto e, híbridos comerciais por terem características agronômicas desejáveis e alta qualidade industrial dos frutos. De acordo com as características distintas, os genótipos foram alocados em grupos contrastantes. Assim formaram-se, grupo 1, quatro acessos de tomate de fenótipo anão do BGH-UFV (BGH-1989; BGH-2006; BGH-2077 e BGH-2086) e grupo 2, oito híbridos comerciais de tomate industrial (UG-8169; HMX-7889; AP-533; H-9553; H-9992; H-9889; N-901 e U-2006). Foi realizado cruzamento dialélico parcial entre os dois grupos de progenitores, obtendo-se 32 combinações híbridas possíveis. Dos cruzamentos dos progenitores entre ambos os grupos foi obtida a geração  $F_1$ , da autofecundação de  $F_1$  foi obtida a geração  $F_2$ , do qual foram selecionadas as plantas que possuíam fenótipo anão. Por fim, foi realizado um experimento onde foram avaliados os doze progenitores de ambos os grupos e as 32 famílias  $F_2$  provenientes do cruzamento entre progenitores de ambos os grupos.

O experimento foi realizado de junho de 2014 a novembro de 2014. O delineamento experimental adotado foi em blocos casualizados, com três repetições, plantas espaçadas a 1,2 metros entre linhas e 0,5 metros entre plantas. Por se constituírem de populações homogêneas, os doze progenitores foram alocados em parcelas constituídas de uma linha com sete plantas cada. Já as 32 famílias  $F_2$ , por se constituírem de populações heterogêneas, foram alocadas em parcelas constituídas de duas linhas com quinze plantas cada, totalizando trinta plantas por parcela.

### **Características avaliadas**

A fim de obter a capacidade combinatória, foram consideradas como características principais, produção por planta e sólidos solúveis totais (SST).

Para obter as estimativas das distâncias genéticas, foram avaliadas as seguintes características. Número de dias para o florescimento, compreendido da semeadura até a primeira flor totalmente aberta. Aos 60 DAE e com auxílio de um paquímetro digital foi determinado o comprimento da pétala (mm); comprimento da sépala (mm); comprimento dos estames (mm); número de inflorescências por planta e número de flores por inflorescência. Aos 128 DAE e com auxílio de um paquímetro digital, foi determinado o diâmetro da haste (mm) na região mediana entre o segundo e terceiro nó acima do solo; comprimento do internódio (mm) obtido pela distância entre o segundo e terceiro nó acima do solo e comprimento do

pedicelo (mm) entre o fruto e o pedúnculo e comprimento do pedicelo (mm) entre o fruto e o ponto de abscisão (*jointless*). Com auxílio de uma trena métrica foi determinado o comprimento do ramo (cm) distância entre o colo da planta e a extremidade distal do maior ramo. Ainda, foi determinado o número de frutos por inflorescência.

Aos 135 DAE foi selecionado um fruto do segundo ou terceiro cacho de cada planta da parcela (IPGRI, 1996) e com auxílio de um paquímetro digital foi determinada a largura da cicatriz da inserção do pedicelo no fruto (mm); espessura do pericarpo (mm); tamanho do núcleo (mm), distância entre as extremidades internas opostas do pericarpo; largura do fruto (mm), maior distância equatorial e comprimento do fruto (mm), distância longitudinal. Com auxílio de uma balança semianalítica foi determinada a massa de mil sementes (g) e massa do fruto (g). Também foi determinado a firmeza do fruto (N) com penetrômetro digital *SoilControl* modelo *PDF-200* e o número de lóculos. Posteriormente os frutos foram triturados em liquidificador para determinação dos SST (°Brix) em refratômetro portátil digital *Hanna* modelo *HI-96801*; pH em pHmetro *Tecnopon* modelo *mPA-210* e acidez titulável ( $\text{cmol L}^{-1}$ ) (Zenebon et al., 2008).

Aos 140 DAE foi determinada a produção por planta ( $\text{kg planta}^{-1}$ ), obtida pela massa total de frutos por planta e número de frutos por planta.

### **Análise da capacidade combinatória**

As estimativas dos parâmetros de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram obtidas pela análise dialélica parcial (Geraldí e Miranda Filho, 1988, adaptado de Griffing, 1956), segundo o modelo estatístico:  $Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2}(d_1 + d_2) + g_i + g'_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$ , em que:  $Y_{ij}$  é a média do cruzamento envolvendo o  $i$ -ésimo progenitor de grupo 1 e o  $j$ -ésimo progenitor do grupo 2;  $\mu$  é a média geral;  $d_1$  e  $d_2$  são os contrastes envolvendo médias dos grupos 1 e 2 e a média geral;  $g_i$  é o efeito da CGC do  $i$ -ésimo progenitor do grupo 1;  $g'_j$  é o efeito da CGC do  $j$ -ésimo progenitor do grupo 2;  $s_{ij}$  é o efeito da CEC entre progenitores de ordem  $i$  e  $j$ , dos grupos I e II, respectivamente e;  $\varepsilon_{ij}$  é o erro experimental médio.



### **Análise de Divergência Genética**

Foram selecionadas variáveis que possuem relação com cada característica principal, devendo atender os requisitos dos seguintes parâmetros: correlação fenotípica ( $-0,7 > x > 0,7$ ); correlação genotípica ( $-0,9 > x > 0,9$ ); análise de regressão de stepwise (correlação parcial de 0,2 de entrada e 0,15 de saída) e análise de trilha (alto efeito direto e indireto).

A divergência genética foi obtida da distância genética (DG) a partir da Distância Euclidiana Média para cada par de progenitores entre os dois grupos. Adicionalmente, para cada progenitor, foi obtida a média das DGs do progenitor em relação aos progenitores do outro grupo, denominada neste trabalho de Distância Genética Média (DGM).

### **Desempenho *per se* e Heterose**

O desempenho *per se* de cada progenitor foi obtido pela média das parcelas. A heterose foi obtida pela diferença entre a média da geração F<sub>2</sub> e a média dos respectivos progenitores.

### **Análise Estatística**

Foram correlacionadas as estimativas de CGC com as DGM, assim como com os desempenhos *per se*, para o grupo 1 e 2 separadamente. Também foram correlacionadas as estimativas de CEC com as DGs e heteroses entre pares de progenitores. Utilizou-se correlação de Pearson.

Todas as análises foram realizadas com o aplicativo computacional em genética e estatística Genes versão 2013.1.1 (Cruz, 2013).

## **RESULTADOS**

### **Seleção das variáveis**

Para ambas as características principais, produção e SST, houve diferença no número e nas variáveis selecionadas que possuem relação com a característica principal. Observou-se apenas consenso nas variáveis relacionadas com a característica produção, quando se utilizou os métodos de seleção de variáveis por stepwise e análise de trilha. A seleção de variáveis baseada em correlação fenotípica foi o método que mais selecionou variáveis para ambas as características principais,

stepwise e análise de trilha foram os métodos que menos selecionaram variáveis para a característica principal produção por planta e análise de trilha foi o método que menos selecionou variáveis para a característica principal SST (Tabelas 1 e 2).

**TABELA 1.** Correlações fenotípica (Fen), genotípica (Gen) e efeitos diretos da análise de trilha, da característica principal produção e sólidos solúveis totais com variáveis morfoagronômicas de tomate. Viçosa, MG, 2014.

| Var <sup>1</sup>  | Produção |       |        | Sólidos Solúveis Totais |       |        |
|-------------------|----------|-------|--------|-------------------------|-------|--------|
|                   | Fen      | Gen   | Trilha | Fen                     | Gen   | Trilha |
| Prod <sup>2</sup> | -        | -     | -      | 0,72                    | 0,81  | 0,01   |
| SST               | 0,72     | 0,81  | 0,01   | -                       | -     | -      |
| F                 | 0,89     | 1,03  | 0,06   | 0,92                    | 0,97  | 0,29   |
| pH                | -0,52    | -0,63 | -0,03  | -0,60                   | -0,76 | -0,05  |
| AT                | 0,22     | 0,37  | -0,10  | 0,68                    | 0,96  | 0,27   |
| NI                | 0,86     | 1,10  | 0,06   | 0,76                    | 1,08  | -0,15  |
| NFII              | 0,41     | 0,45  | -0,05  | 0,55                    | 0,65  | -0,19  |
| CSp               | 0,45     | 0,51  | 0,10   | 0,29                    | 0,32  | -0,06  |
| CPt               | 0,77     | 0,85  | 0,01   | 0,66                    | 0,75  | -0,10  |
| CE                | 0,45     | 0,59  | -0,07  | 0,52                    | 0,63  | 0,28   |
| NFrI              | 0,67     | 0,71  | 0,00   | 0,78                    | 0,87  | 0,13   |
| CPd               | -0,09    | -0,14 | 0,07   | -0,29                   | -0,28 | -0,18  |
| CCPA              | -0,65    | -0,76 | -0,21  | -0,79                   | -0,88 | -0,16  |
| LCP               | -0,67    | -0,86 | -0,02  | -0,74                   | -0,90 | -0,20  |
| EP                | 0,94     | 0,98  | 0,23   | 0,58                    | 0,66  | -0,02  |
| TN                | -0,85    | -0,90 | -0,04  | -0,85                   | -0,90 | -0,08  |
| PMS               | 0,41     | 0,45  | 0,00   | 0,32                    | 0,35  | -0,07  |
| DH                | -0,66    | -0,84 | 0,00   | -0,51                   | -0,64 | -0,06  |
| CIH               | 0,57     | 1,11  | 0,06   | 0,67                    | 1,13  | 0,13   |
| Dflor             | -0,03    | -0,02 | 0,05   | -0,34                   | -0,38 | -0,02  |
| CR                | 0,95     | 1,02  | 0,17   | 0,80                    | 0,85  | 0,00   |
| NF                | 0,89     | 0,89  | 0,13   | 0,79                    | 0,87  | -0,05  |
| PMF               | -0,66    | -0,74 | 0,06   | -0,73                   | -0,81 | 0,02   |
| LF                | -0,76    | -0,82 | 0,00   | -0,84                   | -0,89 | -0,07  |
| CF                | 0,56     | 0,61  | 0,17   | 0,19                    | 0,20  | 0,04   |
| NL                | -0,85    | -0,89 | -0,14  | -0,74                   | -0,77 | -0,04  |
| R <sup>2(3)</sup> | -        | -     | 0,99   | -                       | -     | 0,97   |

<sup>1</sup>Variáveis morfoagronômicas. <sup>2</sup>(Prod) produção por planta; (SST) sólidos solúveis totais; (F) firmeza da polpa; (AT) acidez titulável; pH; (CPt) comprimento da pétala; (CSp) comprimento da sépala; (CE) comprimento dos estames; (NDF) número de dias para florescimento; (NI) número de inflorescências; (NFII) número de flores por inflorescência; (NFrI) número de frutificações por inflorescência; (CPd) comprimento do pedicelo; (CCPA) comprimento do cálice até o ponto de abscisão; (LCP) largura da cicatriz do pedicelo; (EP) espessura do pericarpo; (TN) tamanho do núcleo; (MMS) massa de mil sementes; (DH) diâmetro da haste; (CI) comprimento médio do internódio; (CR) comprimento dos ramos; (MMF) massa média dos frutos; (LF) largura do fruto; (CF) comprimento do fruto; (NL) número de lóculos; e (FP) número de frutos por planta. <sup>3</sup>Coefficiente de determinação.

### Todas as variáveis

Quando se utilizou todas as variáveis, a menor DG foi observada entre os progenitores BGH-2006 e AP-533 dos grupos 1 e 2, respectivamente. Notou-se que os mesmos progenitores foram os que menos divergiram em relação ao outro grupo quando se avaliou a DGM. A maior DG foi observada entre os progenitores BGH-2077 e H-9992 dos grupos 1 e 2, respectivamente, e os mesmos progenitores foram os que mais divergiram em relação ao outro grupo quando avaliado a DGM (Tabela 3).

**TABELA 2.** Variáveis selecionadas pela relação com a característica principal produção e sólidos solúveis totais, utilizando método de seleção baseados nos critérios de correlação fenotípica (Fen), correlação genotípica (Gen), método de stepwise (Step) e análise de trilha (Trilha). Viçosa, MG, 2014.

| Produção          |      |      |        | Sólidos Solúveis Totais |     |      |        |
|-------------------|------|------|--------|-------------------------|-----|------|--------|
| Fen               | Gen  | Step | Trilha | Fen                     | Gen | Step | Trilha |
| Prod <sup>1</sup> | Prod | Prod | Prod   | Prod                    | SST | SST  | SST    |
| SST               | F    | EP   | EP     | SST                     | F   | F    | F      |
| F                 | NI   | CR   | CR     | F                       | AT  | EP   | AT     |
| NI                | EP   |      |        | NI                      | NI  | CIH  |        |
| CPt               | TN   |      |        | NFrI                    | LCP |      |        |
| EP                | CIH  |      |        | CPPA                    | CIH |      |        |
| TN                | CR   |      |        | LCP                     |     |      |        |
| CR                |      |      |        | TN                      |     |      |        |
| NF                |      |      |        | CR                      |     |      |        |
| LF                |      |      |        | NF                      |     |      |        |
| NL                |      |      |        | PMF                     |     |      |        |
|                   |      |      |        | LF                      |     |      |        |
|                   |      |      |        | NL                      |     |      |        |

<sup>1</sup>(Prod) produção por planta; (SST) sólidos solúveis totais; (F) firmeza da polpa; (AT) acidez titulável; pH; (CPt) comprimento da pétala; (CSp) comprimento da sépala; (CE) comprimento dos estames; (NDF) número de dias para florescimento; (NI) número de inflorescências; (NFII) número de flores por inflorescência; (NFrI) número de frutificações por inflorescência; (CPd) comprimento do pedicelo; (CCPA) comprimento do cálice até o ponto de abscisão; (LCP) largura da cicatriz do pedicelo; (EP) espessura do pericarpo; (TN) tamanho do núcleo; (MMS) massa de mil sementes; (DH) diâmetro da haste; (CI) comprimento médio do internódio; (CR) comprimento dos ramos; (MMF) massa média dos frutos; (LF) largura do fruto; (CF) comprimento do fruto; (NL) número de lóculos; e (FP) número de frutos por planta.

### Produção

Com relação à característica principal produção, as maiores estimativas da CGC foram observadas nos progenitores BGH-2006 e HMX-7889 dos grupos 1 e 2, respectivamente. Os mesmos progenitores também obtiveram a maior média em cada grupo. A maior estimativa da CEC e maior média das combinações híbridas foram

observadas em BGH-2006/H-9553. Já a combinação híbrida que expressou maior heterose foi BGH-2077/HMX-7889 (Tabela 4).

**TABELA 3.** Distância genética e distância genética média (DGM) utilizando 26 variáveis morfoagronômicas de tomate. Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor           | BGH-1989 <sup>1</sup>           | BGH-2006 | BGH-2077 | BGH-2086 | DGM  |
|----------------------|---------------------------------|----------|----------|----------|------|
|                      | Distância Genética <sup>3</sup> |          |          |          |      |
| UG-8169 <sup>2</sup> | 2,78                            | 2,54     | 3,45     | 3,11     | 2,97 |
| HMX-7889             | 2,53                            | 2,68     | 3,03     | 2,75     | 2,75 |
| H-9553               | 2,80                            | 2,52     | 3,40     | 3,10     | 2,95 |
| AP-533               | 2,81                            | 2,16     | 2,93     | 2,65     | 2,64 |
| H-9992               | 3,10                            | 2,88     | 3,73     | 3,38     | 3,27 |
| H-9889               | 2,82                            | 2,49     | 3,37     | 3,16     | 2,96 |
| N-901                | 2,96                            | 2,64     | 3,58     | 3,07     | 3,06 |
| U-2006               | 2,62                            | 2,37     | 3,01     | 2,72     | 2,68 |
| DGM <sup>4</sup>     | 2,80                            | 2,53     | 3,31     | 2,99     |      |

<sup>1</sup>Progenitores do grupo 1, acessos de tomate de fenótipo anão. <sup>2</sup>Progenitores do grupo 2, híbridos comerciais de tomate industrial. <sup>3</sup>Distância genética entre par de progenitores de ambos os grupos obtida pela Distância Euclidiana Média. <sup>4</sup>Distância genética média do progenitor avaliado em relação aos progenitores do outro grupo.

Foi observada, respectivamente, a menor e a maior DGM dos progenitores BGH-2006 e BGH-1989 (grupo 1) em relação ao grupo 2 para todas os métodos de seleção de variáveis (Tabela 4).

No grupo 2, a menor DGM em relação ao grupo 1 foi observada no progenitor H-9889, considerando a seleção de variáveis baseada na variável produção, stepwise e análise de trilha, e no progenitor U-2006 quando baseada na correlação fenotípica e genotípica. Por outro lado, neste grupo, a maior DGM foi observada no progenitor AP-533 considerando a seleção de variáveis baseada na variável produção, stepwise e análise de trilha e no progenitor H-9992 quando baseada na correlação fenotípica e genotípica (Tabela 4).

A menor DG foi observada entre os progenitores BGH-2006 e H-9889 e as maiores DGs entre BGH-1989 e AP-533, para variáveis selecionadas com base na variável produção, stepwise e análise de trilha. Também foi observada menor DG entre os progenitores BGH-2006 e U-2006 e maior DG entre BGH-2077 e H-9992 para variáveis selecionadas com base na correlação fenotípica. E, quando foi utilizada a seleção de variáveis com base na correlação genética, observou-se menor e maior DG entre os progenitores BGH-2006 e U-2006 e, BGH-1989 e H-9992, respectivamente (Tabela 4).

**TABELA 4.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC), heterose (Het), média e, distância genética e distância genética média utilizando variáveis selecionadas por critérios de seleção de variáveis (Prod, Fen, Gen, Step e Trilha) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica produção (kg planta<sup>-1</sup>). Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor     | CGC    | Média | Het   | Distância Genética Média <sup>1</sup> |      |      |      |        |
|----------------|--------|-------|-------|---------------------------------------|------|------|------|--------|
|                |        |       |       | Prod <sup>2</sup>                     | Fen  | Gen  | Step | Trilha |
| BGH-1989 (1)   | -0,129 | 1,26  | -     | 0,82 <sup>3</sup>                     | 2,22 | 1,91 | 1,30 | 1,30   |
| BGH-2006 (2)   | 0,310  | 2,06  | -     | 0,55                                  | 1,74 | 1,52 | 1,03 | 1,03   |
| BGH-2077 (3)   | 0,010  | 1,33  | -     | 0,79                                  | 2,54 | 1,88 | 1,21 | 1,21   |
| BGH-2086 (4)   | -0,192 | 1,27  | -     | 0,81                                  | 2,21 | 1,83 | 1,27 | 1,27   |
| UG-8169 (1')   | -0,167 | 3,44  | -     | 0,66                                  | 2,25 | 1,78 | 1,09 | 1,09   |
| HMX-7889 (2')  | 0,260  | 4,06  | -     | 0,86                                  | 1,97 | 1,78 | 1,27 | 1,27   |
| H-9553 (3')    | 0,069  | 3,82  | -     | 0,78                                  | 2,29 | 1,91 | 1,31 | 1,31   |
| AP-533 (4')    | 0,087  | 4,24  | -     | 0,93                                  | 2,00 | 1,78 | 1,48 | 1,48   |
| H-9992 (5')    | 0,113  | 3,95  | -     | 0,83                                  | 2,44 | 1,98 | 1,31 | 1,31   |
| H-9889 (6')    | -0,232 | 3,07  | -     | 0,53                                  | 2,14 | 1,64 | 0,93 | 0,93   |
| N-901 (7')     | 0,086  | 3,76  | -     | 0,76                                  | 2,40 | 1,84 | 1,25 | 1,25   |
| U-2006 (8')    | -0,216 | 3,25  | -     | 0,59                                  | 1,92 | 1,59 | 0,96 | 0,96   |
| F <sub>2</sub> | CEC    |       |       | Distância Genética                    |      |      |      |        |
| 1x1'           | -0,005 | 2,20  | -0,14 | 0,73 <sup>4</sup>                     | 2,27 | 1,90 | 1,19 | 1,19   |
| 1x2'           | 0,070  | 2,71  | 0,05  | 0,94                                  | 2,00 | 1,87 | 1,37 | 1,37   |
| 1x3'           | -0,085 | 2,36  | -0,18 | 0,86                                  | 2,35 | 2,04 | 1,42 | 1,42   |
| 1x4'           | -0,317 | 2,15  | -0,60 | 1,00                                  | 2,05 | 1,92 | 1,59 | 1,59   |
| 1x5'           | 0,133  | 2,62  | 0,02  | 0,90                                  | 2,50 | 2,10 | 1,41 | 1,41   |
| 1x6'           | -0,108 | 2,04  | -0,13 | 0,61                                  | 2,18 | 1,75 | 1,03 | 1,03   |
| 1x7'           | 0,131  | 2,59  | 0,08  | 0,84                                  | 2,44 | 1,99 | 1,33 | 1,33   |
| 1x8'           | -0,113 | 2,05  | -0,20 | 0,67                                  | 1,97 | 1,70 | 1,06 | 1,06   |
| 2x1'           | -0,335 | 2,31  | -0,44 | 0,46                                  | 1,78 | 1,49 | 0,93 | 0,93   |
| 2x2'           | 0,021  | 3,10  | 0,04  | 0,67                                  | 1,58 | 1,61 | 1,08 | 1,08   |
| 2x3'           | 0,325  | 3,21  | 0,27  | 0,59                                  | 1,81 | 1,62 | 1,15 | 1,15   |
| 2x4'           | -0,234 | 2,67  | -0,48 | 0,73                                  | 1,59 | 1,48 | 1,30 | 1,30   |
| 2x5'           | -0,382 | 2,55  | -0,46 | 0,63                                  | 1,99 | 1,74 | 1,13 | 1,13   |
| 2x6'           | 0,143  | 2,73  | 0,16  | 0,34                                  | 1,72 | 1,39 | 0,77 | 0,77   |
| 2x7'           | 0,039  | 2,94  | 0,03  | 0,57                                  | 1,95 | 1,50 | 1,09 | 1,09   |
| 2x8'           | 0,270  | 2,87  | 0,21  | 0,40                                  | 1,48 | 1,35 | 0,80 | 0,80   |
| 3x1'           | 0,117  | 2,46  | 0,08  | 0,71                                  | 2,62 | 1,88 | 1,09 | 1,09   |
| 3x2'           | 0,186  | 2,96  | 0,27  | 0,91                                  | 2,30 | 1,77 | 1,28 | 1,28   |
| 3x3'           | -0,130 | 2,45  | -0,12 | 0,83                                  | 2,68 | 2,01 | 1,32 | 1,32   |
| 3x4'           | 0,012  | 2,61  | -0,17 | 0,98                                  | 2,33 | 1,92 | 1,51 | 1,51   |
| 3x5'           | -0,021 | 2,61  | -0,03 | 0,88                                  | 2,81 | 2,05 | 1,31 | 1,31   |
| 3x6'           | -0,074 | 2,21  | 0,01  | 0,59                                  | 2,52 | 1,75 | 0,94 | 0,94   |
| 3x7'           | -0,048 | 2,55  | 0,01  | 0,81                                  | 2,75 | 2,01 | 1,23 | 1,23   |
| 3x8'           | 0,081  | 2,38  | 0,09  | 0,64                                  | 2,33 | 1,67 | 0,96 | 0,96   |
| 4x1'           | -0,046 | 2,10  | -0,26 | 0,73                                  | 2,32 | 1,84 | 1,17 | 1,17   |
| 4x2'           | -0,065 | 2,51  | -0,16 | 0,93                                  | 2,01 | 1,85 | 1,33 | 1,33   |
| 4x3'           | -0,182 | 2,20  | -0,34 | 0,85                                  | 2,33 | 1,97 | 1,38 | 1,38   |
| 4x4'           | -0,311 | 2,09  | -0,67 | 0,99                                  | 2,03 | 1,78 | 1,53 | 1,53   |
| 4x5'           | 0,105  | 2,53  | -0,08 | 0,90                                  | 2,47 | 2,05 | 1,38 | 1,38   |
| 4x6'           | 0,246  | 2,33  | 0,15  | 0,60                                  | 2,14 | 1,66 | 1,00 | 1,00   |
| 4x7'           | -0,012 | 2,39  | -0,13 | 0,83                                  | 2,45 | 1,86 | 1,33 | 1,33   |
| 4x8'           | -0,314 | 1,78  | -0,48 | 0,66                                  | 1,92 | 1,64 | 1,04 | 1,04   |

<sup>1</sup>Distância genética obtida pela distância Euclidiana. <sup>2</sup>Variáveis selecionadas com base no critério: Prod: utilizando apenas a variável produção; Fen: correlação fenotípica; Gen: correlação genotípica; Step: método de stepwise; Trilha: análise de trilha. <sup>3</sup>Distância genética média do progenitor avaliado em relação aos progenitores do outro grupo. <sup>4</sup>Distância genética entre par de progenitores de ambos os grupos.

Foi observada correlação positiva de alta magnitude entre a estimativa da CGC e média dos progenitores para ambos os grupos, assim como entre CEC e heterose (Tabela 5).

No grupo 1, a estimativa da CGC correlacionou-se negativamente em alta magnitude com a DGM quando foram utilizadas as seleções de variáveis baseadas na variável produção, método de stepwise e análise de trilha. Por outro lado, no grupo 2, a estimativa da CGC correlacionou-se positivamente em alta magnitude com a DGM, quando foram utilizadas os mesmos métodos de seleção de variáveis (Tabela 5).

**TABELA 5.** Correlação das estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC) com média dos progenitores e distância genética média utilizando variáveis selecionadas por critérios de seleção de variáveis (Var, Fen, Gen, Par, Step, Trilha e Todas), e, das estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (CEC) com média da geração F<sub>2</sub>, heterose (Het) e distância genética, em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) para as características principais produção e sólidos solúveis totais. Viçosa, MG, 2014.

|                                     | Média | Het  | Var <sup>3</sup> | Fen   | Gen   | Step  | Trilha | Todas |
|-------------------------------------|-------|------|------------------|-------|-------|-------|--------|-------|
| ----- Produção -----                |       |      |                  |       |       |       |        |       |
| CGC 1                               | 0,95  | -    | -0,95            | -0,65 | -0,88 | -0,97 | -0,97  | -0,52 |
| CGC 2                               | 0,91  | -    | 0,91             | 0,16  | 0,67  | 0,82  | 0,82   | 0,07  |
| CEC                                 | 0,61  | 0,93 | -0,18            | 0,07  | -0,06 | -0,24 | -0,24  | 0,10  |
| ----- Sólidos Solúveis Totais ----- |       |      |                  |       |       |       |        |       |
| CGC 1                               | -0,15 | -    | 0,15             | 0,18  | -0,19 | -0,29 | 0,32   | 0,18  |
| CGC 2                               | 0,96  | -    | 0,96             | 0,41  | 0,91  | 0,75  | 0,94   | 0,50  |
| CEC                                 | 0,57  | 0,93 | -0,47            | -0,12 | -0,37 | -0,27 | -0,35  | -0,13 |

<sup>1</sup>Variáveis selecionadas com base no critério: Var: utilizando apenas a característica principal; Fen: correlação fenotípica; Gen: correlação genotípica; Par: correlação parcial; Step: método de stepwise; Trilha: análise de trilha; Todas: sem critério de seleção, foram utilizadas todas as variáveis.

Quando foi utilizada a seleção de variáveis com base na correlação genotípica, também foi observada correlação negativa e positiva entre CGC e DGM nos grupos 1 e 2, respectivamente, entretanto, com alta magnitude apenas no grupo 1 (Tabela 5).

Não houve correlação entre a CEC e DG para todos os métodos de seleção de variáveis (Tabela 5).

### Sólidos solúveis totais

As maiores estimativas da CGC foram observadas nos progenitores BGH-2077 e H-9889 dos grupos 1 e 2, respectivamente (Tabela 6).

**TABELA 6.** Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (CGC), capacidade específica de combinação (CEC), heterose (Het), média e, distância genética e distância genética média utilizando variáveis selecionadas por critérios de seleção de variáveis (SST, Fen, Gen, Can, Step e Trilha) em cruzamento dialélico parcial envolvendo acessos de tomate de fenótipo anão (grupo 1) e híbridos comerciais de tomate industrial (grupo 2) em relação à característica sólidos solúveis totais (°Brix). Viçosa, MG, 2014.

| Progenitor     | CGC    | Média | Het   | Distância Genética Média |      |      |      |        |
|----------------|--------|-------|-------|--------------------------|------|------|------|--------|
|                |        |       |       | SST                      | Fen  | Gen  | Step | Trilha |
| BGH-1989 (1)   | -0,019 | 3,91  |       | 0,69                     | 2,34 | 1,67 | 1,39 | 1,15   |
| BGH-2006 (2)   | 0,020  | 4,12  |       | 0,58                     | 1,71 | 1,36 | 1,26 | 1,11   |
| BGH-2077 (3)   | 0,036  | 3,95  |       | 0,67                     | 2,79 | 1,54 | 1,23 | 1,06   |
| BGH-2086 (4)   | -0,037 | 4,10  |       | 0,59                     | 2,23 | 1,45 | 1,23 | 0,97   |
| UG-8169 (1')   | -0,005 | 5,08  |       | 0,53                     | 2,31 | 1,50 | 1,15 | 0,96   |
| HMX-7889 (2')  | 0,002  | 5,28  |       | 0,63                     | 1,94 | 1,37 | 1,39 | 0,93   |
| H-9553 (3')    | -0,156 | 5,02  |       | 0,50                     | 2,44 | 1,45 | 1,18 | 0,86   |
| AP-533 (4')    | -0,285 | 4,35  |       | 0,16                     | 1,81 | 0,98 | 1,14 | 0,69   |
| H-9992 (5')    | 0,171  | 5,73  |       | 0,85                     | 2,74 | 1,84 | 1,51 | 1,34   |
| H-9889 (6')    | 0,198  | 5,92  |       | 0,95                     | 2,25 | 1,70 | 1,45 | 1,38   |
| N-901 (7')     | -0,015 | 5,42  |       | 0,70                     | 2,61 | 1,57 | 1,15 | 1,12   |
| U-2006 (8')    | 0,090  | 5,52  |       | 0,75                     | 2,03 | 1,63 | 1,25 | 1,29   |
| F <sub>2</sub> | CEC    |       |       | Distância Genética       |      |      |      |        |
| 1x1'           | -0,003 | 4,40  | -0,10 | 0,58                     | 2,39 | 1,68 | 1,25 | 1,02   |
| 1x2'           | -0,194 | 4,22  | -0,38 | 0,68                     | 1,95 | 1,48 | 1,47 | 1,08   |
| 1x3'           | 0,298  | 4,55  | 0,09  | 0,55                     | 2,52 | 1,67 | 1,29 | 0,99   |
| 1x4'           | 0,260  | 4,38  | 0,25  | 0,22                     | 1,88 | 1,23 | 1,28 | 0,87   |
| 1x5'           | -0,262 | 4,32  | -0,51 | 0,91                     | 2,83 | 1,99 | 1,62 | 1,36   |
| 1x6'           | -0,256 | 4,35  | -0,56 | 1,00                     | 2,34 | 1,86 | 1,56 | 1,43   |
| 1x7'           | -0,077 | 4,32  | -0,35 | 0,75                     | 2,69 | 1,79 | 1,29 | 1,20   |
| 1x8'           | -0,231 | 4,27  | -0,45 | 0,80                     | 2,11 | 1,70 | 1,35 | 1,27   |
| 2x1'           | -0,042 | 4,40  | -0,20 | 0,48                     | 1,68 | 1,32 | 1,15 | 1,02   |
| 2x2'           | -0,299 | 4,15  | -0,55 | 0,58                     | 1,51 | 1,39 | 1,42 | 0,90   |
| 2x3'           | -0,157 | 4,13  | -0,43 | 0,45                     | 1,83 | 1,21 | 1,18 | 0,86   |
| 2x4'           | 0,172  | 4,33  | 0,10  | 0,12                     | 1,36 | 0,76 | 1,06 | 0,65   |
| 2x5'           | -0,101 | 4,52  | -0,41 | 0,81                     | 2,14 | 1,71 | 1,52 | 1,42   |
| 2x6'           | -0,178 | 4,47  | -0,55 | 0,90                     | 1,68 | 1,58 | 1,43 | 1,44   |
| 2x7'           | -0,015 | 4,42  | -0,35 | 0,65                     | 2,02 | 1,29 | 1,07 | 1,16   |
| 2x8'           | -0,103 | 4,43  | -0,38 | 0,70                     | 1,46 | 1,60 | 1,26 | 1,42   |
| 3x1'           | 0,058  | 4,52  | 0,00  | 0,57                     | 2,90 | 1,54 | 1,07 | 0,93   |
| 3x2'           | 0,151  | 4,62  | 0,00  | 0,66                     | 2,38 | 1,24 | 1,27 | 0,94   |
| 3x3'           | -0,290 | 4,02  | -0,47 | 0,53                     | 3,00 | 1,51 | 1,12 | 0,85   |
| 3x4'           | 0,038  | 4,22  | 0,07  | 0,20                     | 2,26 | 1,09 | 1,19 | 0,68   |
| 3x5'           | -0,017 | 4,62  | -0,23 | 0,89                     | 3,27 | 1,86 | 1,44 | 1,32   |
| 3x6'           | -0,145 | 4,52  | -0,42 | 0,98                     | 2,81 | 1,75 | 1,41 | 1,37   |
| 3x7'           | -0,165 | 4,28  | -0,40 | 0,73                     | 3,15 | 1,72 | 1,21 | 1,11   |
| 3x8'           | 0,047  | 4,60  | -0,13 | 0,78                     | 2,56 | 1,62 | 1,18 | 1,26   |
| 4x1'           | 0,076  | 4,46  | -0,13 | 0,49                     | 2,26 | 1,47 | 1,12 | 0,86   |
| 4x2'           | 0,058  | 4,45  | -0,24 | 0,59                     | 1,92 | 1,36 | 1,40 | 0,81   |
| 4x3'           | -0,233 | 4,00  | -0,56 | 0,46                     | 2,43 | 1,41 | 1,15 | 0,74   |
| 4x4'           | -0,033 | 4,07  | -0,15 | 0,12                     | 1,75 | 0,85 | 1,03 | 0,55   |
| 4x5'           | -0,127 | 4,43  | -0,48 | 0,81                     | 2,72 | 1,81 | 1,49 | 1,26   |
| 4x6'           | -0,188 | 4,40  | -0,61 | 0,91                     | 2,16 | 1,63 | 1,40 | 1,29   |
| 4x7'           | -0,358 | 4,02  | -0,74 | 0,66                     | 2,60 | 1,46 | 1,02 | 1,02   |
| 4x8'           | -0,113 | 4,37  | -0,44 | 0,71                     | 1,98 | 1,59 | 1,23 | 1,23   |

<sup>1</sup>Distância genética obtida pela Distância Euclidiana Média. <sup>2</sup>Variáveis selecionadas com base no critério: Prod: utilizando apenas a variável produção; Fen: correlação fenotípica; Gen: correlação genotípica; Step: método de stepwise; Trilha: análise de trilha. <sup>3</sup>Distância genética média do progenitor avaliado em relação aos progenitores do outro grupo. <sup>4</sup>Distância genética entre par de progenitores de ambos os grupos.

A maior estimativa da CEC foi observada na combinação híbrida BGH-1989/H-9553. A combinação híbrida que expressou maior heterose foi BGH-1989/AP-533. As maiores médias foram observadas nos progenitores BGH-2006 e H-9889 dos grupos 1 e 2, respectivamente, e na combinação híbrida BGH-2077/H-9992 (Tabela 6).

Através da seleção de variáveis baseada na variável SST, correlação fenotípica e genotípica, observou-se a menor DGM do progenitor BGH-2006 (grupo 1) em relação ao grupo 2. Quando foi utilizada a seleção de variáveis baseada em stepwise e análise de trilha, a menor estimativa da DGM foi do progenitor BGH-2086 do grupo 1 (Tabela 6).

Ainda no grupo 1, observou-se que o progenitor BGH-1989 obteve a maior estimativa da DGM em relação ao grupo 2, quando a seleção de variáveis baseou-se na variável SST, correlação genotípica, stepwise e análise de trilha (Tabela 6).

No grupo 2, as estimativas da DGM foram menores para o progenitor AP-533 para todos os métodos de seleção de variáveis. Já as maiores DGs foram observadas para o progenitor H-9889 quando a seleção de variáveis basearam-se na variável SST, correlação genotípica e análise de trilha, e foram maiores para o progenitor H-9992 quando a seleção de variáveis baseou-se em stepwise e correlação fenotípica (Tabela 6).

Diferentemente do que ocorreu na característica produção, não houve consenso na identificação de combinações híbridas com maiores e menores DGs entre progenitores, para todos os métodos de seleção de variáveis (Tabela 6).

No grupo 1, não houve correlação entre as estimativas da CGC e as médias dos progenitores, assim como com as DGMs. Já no grupo 2, foi observada correlação positiva de alta magnitude entre a estimativa da CGC e média dos progenitores, assim como com as DGMs para todos os métodos de seleção de variáveis, exceto quando se utilizou correlação fenotípica. Houve correlação positiva de alta magnitude entre CEC e heterose. Não houve correlação entre as estimativas da CEC e DG em todos os métodos de seleção de variáveis (Tabela 5).

## **DISCUSSÃO**

As variáveis se correlacionam de forma diferente com a característica principal, positiva ou negativamente, e com diferentes níveis de magnitude (Tabela



1). Provavelmente as variáveis que não possuem relação com a característica principal não contribuem com a diferenciação de progenitores para a característica em questão. Isto sugere que variáveis com baixa magnitude de correlação podem ser dispensadas em análises de diversidade genética.

A diferença na quantidade de variáveis selecionadas, bem como a diferença nas próprias variáveis selecionadas, se deve à forma com que o método relaciona as variáveis. Considerando cada característica principal, o mesmo método selecionou variáveis diferentes, indicando que cada característica principal se relacionou de forma diferente com as demais variáveis (Tabela 2). Isto sugere que para cada característica devem ser selecionadas variáveis diferentes para contribuir mais com a diferenciação dos progenitores.

Em ambas as características principais foi observado que os mesmos progenitores que possuem as maiores estimativas de CGC nos grupos 1 e 2, também possuem as maiores médias (Tabelas 3 e 4). Com exceção do grupo 1 na característica SST, a maior estimativa da CGC foi do progenitor BGH-2077 e a maior média foi observada no progenitor BGH-2006 (Tabela 4). Possivelmente, se deve a não significância da soma de quadrados da CGC do grupo 1 (Tabela 1, capítulo III), indicando que não houve diferença entre os progenitores. Valores elevados no desempenho *per se* para determinada característica indicam que o progenitor possui maior concentração de alelos favoráveis quando comparado com os demais progenitores (Cruz et al., 2012). Pois a utilização do desempenho *per se* na predição de um cruzamento está alicerçado na premissa de que a ação gênica aditiva predomina (Antunes et al., 1998). Portanto, progenitores podem ser selecionados com base no seu desempenho *per se* quando há predominância de alelos favoráveis.

Foi observada correlação alta entre a estimativa da CEC e heterose em ambas as características (Tabelas 2 e 3). Confirmado pelo fato que a heterose é função da complementação alélica entre os progenitores, que é explicada pela divergência genética e pelos desvios de dominância dos alelos que controlam a característica (Falconer, 1987).

A divergência genética com base em todas as variáveis não se correlacionou com a capacidade combinatória (Tabela 5). Indicando que não é possível identificar combinações híbridas com base na divergência genética dos progenitores quando se utiliza todas as variáveis.

Contudo, neste estudo notou-se que determinados progenitores possuem maior ou menor tendência de se distanciarem geneticamente do outro grupo, ou seja, em média as DGs, ou seja, DGM, entre um determinado progenitor de um grupo e os progenitores do outro grupo podem ser maiores ou menores do que outros progenitores do mesmo grupo. Por isso denominou-se como DGM a média das distâncias genéticas entre um progenitor de um grupo em relação aos progenitores do outro grupo.

Considerando a característica produção, as maiores estimativas da CGC foram dos progenitores BGH-2006 e HMX-7889 dos grupos 1 e 2, respectivamente (Tabela 4), indicando que eles contribuem com alelos favoráveis para o aumento da produção. Observou-se também que o progenitor BGH-2006 obteve as menores estimativas da DGM em relação ao grupo 2 para todos os métodos de seleção de variáveis (Tabela 4), indicando que este foi o progenitor que menos se distanciou do grupo 2. A identificação do progenitor BGH-2006 pela sua maior estimativa da CGC e pela menor distância em relação ao grupo 2 fica evidenciado pela correlação negativa para todos os métodos de seleção de variáveis, e de alta magnitude nos métodos de seleção de variáveis baseados na variável produção, correlação genotípica, stepwise e análise de trilha (Tabela 5).

No grupo 2, as maiores estimativas da CGC foram dos progenitores HMX-7889, H-9992, AP-533 e N-901. Os mesmos progenitores também podem ser indicados como mais distantes em relação ao grupo 1 utilizando os métodos de seleção de variáveis baseados na variável produção, correlação genotípica, stepwise e análise de trilha (Tabela 4). O comportamento destes progenitores de se distanciarem geneticamente em relação ao grupo 1, associado a estimativa positiva da CGC (Tabela 4), foi corroborada pela correlação positiva de alta magnitude entre ambos parâmetros genéticos (Tabela 5), e significa que se for realizada uma seleção de aproximadamente 50% dos progenitores do grupo 2 com maior estimativa da DGM, há grande probabilidade de selecionar progenitores com alta frequência de alelos favoráveis.

Para a característica produção, notou-se, em ambos os grupos, que as estimativas da DGM correlacionam-se com magnitudes diferentes com as estimativas da CGC quando se utilizou diferentes métodos de seleção de variáveis (Tabela 5). Acredita-se que a diferença de magnitude da correlação entre os parâmetros de CGC e DGM quando se utiliza diferentes métodos de seleção de variáveis, foi devido às

diferentes variáveis utilizadas para estimar a DG, ou seja, cada variável possuía maior ou menor associação com a variável dependente. Pode ser o fato pelo qual, quando foram utilizadas todas as variáveis para estimar a DG, a magnitude da correlação entre a DGM e CGC foi menor do que quando se utilizou os métodos de seleção de variáveis (Tabela 5). Portanto, a introdução ou eliminação de uma variável pode modificar significativamente a DG entre dois progenitores.

Notou-se também que as estimativas da DGM correlacionam-se negativamente e positivamente com a CGC do grupo 1 e 2, respectivamente (Tabela 5). Acredita-se que, quando se avaliou grupos diferentes em um mesmo método de seleção de variáveis, o sentido da relação entre CGC e DGM esteve associado ao grupo utilizado como testador, ou seja, quando se estimou a DGM dos progenitores de um grupo, utilizou-se o outro grupo como testador. Correlacionando as estimativas da CGC e DGM ao utilizar como testador o grupo com menor desempenho *per se*, progenitores com maior DGM sugerem maior número de alelos favoráveis, pois estavam mais distantes geneticamente do testador e conseqüentemente foram mais produtivos.

O grupo 1 obteve produção média inferior ao grupo 2 (Tabela 1, capítulo II). Logo, utilizando o grupo 1 como testador, o progenitor do grupo 2 com maior estimativa da DGM diferiu mais do grupo 1, o que resulta em correlação positiva entre CGC e DGM no grupo 2. Por outro lado, quando se correlacionou as estimativas de CGC e DGM utilizando como testador o grupo com alto desempenho *per se*, progenitores com maior estimativa de DGM sugerem menor número de alelos favoráveis, pois estavam mais distantes geneticamente do testador.

A conduta dos resultados dos SST foi semelhante aos encontrados na característica produção (Tabela 6). Entretanto, não foram observadas correlações de magnitude alta entre as estimativas da CGC e DGM no grupo 1 (Tabela 5). Acredita-se que está associado a estimativa da CGC do grupo 1 não ser significativa (Tabela 1, capítulo III). Se não houve diferença na frequência de alelos entre os progenitores do grupo 1, possivelmente não houve diferença de DGM entre progenitores do grupo 1 em relação ao grupo 2 e conseqüentemente não houve correlação entre ambos os parâmetros genéticos. Isto reforça o potencial da DGM para ser utilizada como método preditivo na seleção de genótipos superiores.

Para ambas as características principais (produção e SST), a estimativa da DGM baseada nos métodos de seleção de variáveis da variável principal e análise de

trilha, correlacionaram-se com maior magnitude com a estimativa da CGC (Tabela 5), indicando que estes métodos de seleção de variáveis são os mais promissores para identificarem progenitores superiores com base na DGM. Porque, quando se utilizou apenas a variável principal, as DGs entre os progenitores foram relacionadas apenas à própria variável, ou seja, as diferenças entre progenitores se devem apenas às variações genéticas referentes à característica sob seleção. E quando se utiliza análise de trilha, além das variáveis ter alta correlação com a característica principal também devem ter alto efeito direto, de tal forma que a resposta correlacionada por meio da seleção indireta seja eficiente (Cruz et al., 2012).

Em síntese, em uma situação onde um programa de pré melhoramento possui grande número de genótipos que impossibilita a realização de todos os cruzamentos possíveis, a DGM pode ser utilizada como alternativa para reduzir substancialmente o número de genótipos pela seleção de genótipos com alta frequência de alelos favoráveis para a característica de interesse. Concentrando esforços em progenitores superiores para aumentar a probabilidade de sucesso do programa de melhoramento.

## **CONCLUSÃO**

A seleção de progenitores com base na distância genética não é eficiente.

A utilização da distância genética média é uma opção viável na estimação da divergência genética para a seleção de progenitores de grupos contrastantes.

A estimação da divergência genética utilizando variáveis relacionadas com a variável principal é mais eficiente do que a utilização de todas as variáveis na seleção de progenitores.

## CONCLUSÕES GERAIS

As plantas de fenótipo anão possuem menor crescimento e diferenciada alocação de biomassa, apesar de possuem capacidade de assimilação de carbono parecida com as plantas de fenótipo normal. Isso pode ser notado nos acessos BGH-2077 e BGH-2086 que priorizam a alocação de biomassa nas raízes em fases iniciais de crescimento, o que é um indicativo do uso potencial destes acessos em programas de melhoramento que visem à tolerância à seca. Mesmo que o gene de nanismo seja diferente entre os acessos, os padrões de crescimento, parâmetros fisiológicos e bioquímicos diferenciados dos acessos indica que há variabilidade entre os acessos, e esta pode ser explorada em programa de melhoramento de modo que se obtenha planta de fenótipo anão com alto potencial fisiológico para a produção e qualidade de frutos.

Mais estudos devem ser realizados para se ter melhor compreensão de como os açúcares regulam a biossíntese de hormônios e conseqüentemente alteram o crescimento e alocação de biomassa. E, para verificar a real contribuição do amido no crescimento de plantas de fenótipo anão.

Com relação a características agronômicas, BGH-2006 é o acesso mais promissor para ser utilizado em programas de melhoramento, mas, maiores ganhos de redução do porte podem ser obtidos com o acesso BGH-2086. Por isso, diferentes acessos devem ser utilizados em programas de melhoramento para extrair as melhores características de cada um desses acessos, para que ao final, se obtenha uma cultivar que reúna porte compacto, alta produtividade e alta qualidade de fruto. Contudo, deve se ter em mente que cultivares comerciais devem ser utilizados para incorporar as características de qualidade de fruto fixadas pelos programas de melhoramento.

Como visto neste trabalho, são inúmeras as características e parâmetros que podem ser avaliados para distinguir genótipos. Muitas dessas características são de difícil avaliação e onerosas. Considerando um número grande de genótipos a ser avaliado, a realização dessas avaliações se torna impossível. Por isso a utilização da estimativa da distância genética média pode ser de grande importância na seleção de genótipos potencialmente superiores, de modo que apenas os melhores progenitores sejam utilizados em cruzamentos dialélicos.

## REFERENCIAS

ALONSO-BLANCO, C.; AARTS, M. G.; BENTSINK, L.; KEURENTJES, J. J.; REYMOND, M.; VREUGDENHIL, D.; KOORNNEEF, M. What has natural variation taught us about plant development, physiology, and adaptation?. **The Plant Cell**, v. 21, n. 7, p. 1877-1896, 2009.

ANTUNES, I. F.; VELLO, N. A.; TEIXEIRA, M. G.; SILVEIRA, E. P.; EMYGLIO, B. M.; ZONTA, E. P. Predição da produtividade de grãos de populações F<sub>2</sub> de feijão a partir da média parental. **Ciência Rural**, v. 28, n. 3, p. 357-360, 1998.

ARGENTA, G.; SILVA, P. R. F.; SANGOI, L. Arranjo de plantas em milho: análise do estado-da-arte. **Ciência Rural**, v. 31, n. 6, p. 1075-1084, 2001.

AZZI, L.; DELUCHE, C.; GÉVAUDANT, F.; FRANGNE, N.; DELMAS, F.; HERNOULD, M.; CHEVALIER, C. Fruit growth-related genes in tomato. **Journal of Experimental Botany**, v. 66, p. 1075-1086, 2015.

BAXTER, C. J.; CARRARI, F.; BAUKE, A.; OVERY, S.; HILL, S. A.; QUICK, P. W.; FERNIE, A. R.; SWEETLOVE, L. J. Fruit carbohydrate metabolism in an introgression line of tomato with increased fruit soluble solids. **Plant and Cell Physiology**, v. 46, n. 3, p. 425-437, 2005.

BEHARAV, A.; CAHANER, A.; PINTHUS, M. J. Genetic correlations between culm length, grain yield and seedling elongation within tall (*rht1*) and semi-dwarf (*Rht1*) spring wheat (*Triticum aestivum* L.). **European Journal of Agronomy**, v. 9, p. 35-40, 1998.

BENINCASA, M. M. P. **Análise de Crescimento de Plantas (noções básicas)**. Jaboticabal. FUNEP. 2004. 42p.

BENSEN, R. J.; ZEEVAART, J. A. D. Comparison of *ent*-kaurene synthetase A and B activities in cell-free extracts from young tomato fruits of wild-type and *gib-1*, *gib-*

2, and *gib-3* tomato plants. **Journal of Plant Growth Regulation**, v. 9, p. 237-242, 1990.

BIERBIGER, A. The creation of semi-dwarf barley varieties. **Euphytica**, v. 17, p. 177-184, 1968.

BISHOP, G. J.; HARRISON, K.; JONES, J. D. G. The Tomato *dwarf* gene isolated by heterologous transposon tagging encodes the first member of a new cytochrome P450 family. **The Plant Cell**, v. 8, p. 959-969, 1996.

BISHOP, G. J.; NOMURA, T.; YOKOTA, T.; HARRISON, K.; NOGUCHI, T.; FUJIOKA, S.; TAKATSUTO, S.; JONES, J. D. G.; KAMIYA, Y. The tomato DWARF enzyme catalyzes C-6 oxidation in brassinosteroid biosynthesis. **Proc. Natl. Acad. Sci.**, v. 96, p. 1761–1766, 1999.

BUSH, D. R. Proton-coupled sugar and amino acid transporters in plants. **Annual Review of Plant Biology**, v. 44, n. 1, p. 513-542, 1993.

CAHN, M. D.; HERRERO, E. V.; HANSON, B. R.; HARTZ, T. K.; MIYAO, E. M. Water management strategies for improving fruit quality of drip-irrigated processing tomatoes. **Acta Horticulturae**, v. 542, p. 111-116, 2001.

CAHN, M. D.; HERRERO, E. V.; HANSON, B. R.; SNYDER, R. L.; HARTZ, T. K.; MIYAO, E. M. Effects of irrigation cutoff on processing tomato fruit quality. **Acta Horticulturae**, v. 613, p. 75-80, 2003.

CANADY, M. A.; MEGLIC, V.; CHETELAT, R. T. A library of *Solanum lycopersicoides* introgression lines in cultivated tomato. **Genome**, v. 48, n. 4, p. 685-697, 2005.

CEBOLLA-CORNEJO, J.; ROSELLÓ, S.; NUEZ, F. Phenotypic and genetic diversity of Spanish tomato landraces. **Scientia Horticulturae**, v. 162, p. 150-164, 2013.

CHENG, H.; QIN, L.; LEE, S.; FU, X.; RICHARDS, D. E.; CAO, D.; LUO, D.; HARBERD, N. P.; PENG, J. Gibberellin regulates *Arabidopsis* floral development via suppression of DELLA protein function. **Development**, v. 131, n. 5, p. 1055-1064, 2004.

CLEMENTE, F. M. V. T.; BOITEUX, L. S. **Produção de tomate para processamento industrial**. Brasília: Embrapa, 2012. 344p.

CORRADO, G.; CARAMANTE, M.; PIFFANELLI, P.; RAO, R. Genetic diversity in Italian tomato landraces: Implications for the development of a core collection. **Scientia Horticulturae**, v. 168, p. 138-144, 2014.

CROSS, J. M.; VON KORFF, M.; ALTMANN, T.; BARTZETKO, L.; SULPICE, R.; GIBON, Y.; PALACIOS, N.; STITT, M. Variation of enzyme activities and metabolite levels in 24 *Arabidopsis* accessions growing in carbon-limited conditions. **Plant Physiology**, v. 142, n. 4, p. 1574-1588, 2006.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4º ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2012. 514p.

CRUZ, C. D. Genes – a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 35, p. 271-276, 2013.

DAMATTA, F. M.; RENA, A. B. Ecofisiologia de cafezais sombreados e a pleno sol. In: ZAMBOLIM, L. (Ed.). **O estado da arte de tecnologias na produção de café**. 1º ed. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 2002. p. 93-135.

DAOURA, B. G.; CHEN, L.; DU, Y.; HU, Y. G. Genetic effects of dwarfing gene *Rht-5* on agronomic traits in common wheat (*Triticum aestivum* L.) and QTL analysis on its linked traits. **Field Crops Research**, v. 156, p. 22-29, 2014.

DE SMET, I.; VANNESTE, S.; INZÉ, D.; BEECKMAN, T. Lateral root initiation or the birth of a new meristem. **Plant Molecular Biology**, v. 60, n. 6, p. 871-887, 2006.



DORDEVIC, R.; ZECEVIC, B.; ZDRAVKOVIC, J.; ZIVANOVIC, T.; ODOROVIC, G. Inheritance of yield components in tomato. **Genetika**, v. 42, n. 3, p. 575-583, 2010.

EL-GABRY, M. A. H.; SOLIEMAN, T. I. H.; ABIDO, A. I. A. Combining ability and heritability of some tomato (*Solanum lycopersicum* L.) cultivars. **Scientia Horticulturae**, v. 167, p. 153-157, 2014.

EMMANUEL, E.; LEVY, A. A. Tomato mutants as tools for functional genomics. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 5, n. 2, p. 112-117, 2002.

EVANS, G. C. **The quantitative analysis of plant growth**. Oxford, UK: Blackwell Scientific Publications, 1972.

FALCONER, D. S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa: Universidade Federal de Viçosa, 1987. 279p.

FAOSTAT. **Agriculture Organization of the United Nations**. Statistical Database, 2013. Disponível em: <<http://faostat3.fao.org/browse/Q/QC/E>>. Acesso em: 01 mai. 2015.

FARRAR, J. F.; JONES, D. L. The control of carbon acquisition by roots. **New Phytologist**, v. 147, n. 1, p. 43-53, 2000.

FEHR, W. R. **Principles of line development**. New York, MacMillan, 1987. 525p.

FERNIE, A. R.; ROSCHER, A.; RATCLIFFE, R. G.; KRUGER, N. J. Fructose 2, 6-bisphosphate activates pyrophosphate: fructose-6-phosphate 1-phosphotransferase and increases triose phosphate to hexose phosphate cycling in heterotrophic cells. **Planta**, v. 212, n. 2, p. 250-263, 2001.

FLOOD, P. J.; HARBINSON, J.; AARTS, M. G. M. Natural genetic variation in plant photosynthesis. **Trends in Plant Science**, v. 16, n. 6, p. 327-335, 2011.

FONSECA, A. F. A.; SEDIYAMA, T.; CRUZ, C. D.; SAKAYAMA, N. S.; FERRÃO, M. A. G.; BRAGANÇA, S. M. Divergência genética em café conilon. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 4, p. 599-605, 2006.

FRASCA, A. C.; OZORES-HAMPTON, M.; SCOTT, J.; McAVOY, E. Effect of plant population and breeding lines on fresh-market, compact growth habit tomatoes growth, flowering pattern, yield, and postharvest quality. **HortScience**, v. 49, n. 12, p. 1529-1536, 2014.

FRIDMAN, E.; LIU, Y. S.; CARMEL-GOREN, L.; GUR, A.; SHORESH, M.; PLEBAN, T.; ESHED, Y.; ZAMIR, D. Two tightly linked QTLs modify tomato sugar content via different physiological pathways. **Molecular Genetics and Genomics**, v. 266, n. 5, p. 821-826, 2002.

FRIDMAN, E.; CARRARI, F.; LIU, Y. S.; FERNIE, A. R.; ZAMIR, D. Zooming in on a quantitative trait for tomato yield using interspecific introgressions. **Science**, v. 305, n. 5691, p. 1786-1789, 2004.

FUJIOKA, S.; YOKOTA, T. Biosynthesis and metabolism of brassinosteroids. **Annual Review Plant Biology**, v. 54, p. 137-164, 2003.

GALSTON, A. W.; DAVIES, P. J. Mecanismos de controle do desenvolvimento vegetal. Ed. Blücher/EDUSP, 1972. 171p.

GERALDI, I. O.; MIRANDA FILHO, J. B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, v. 11, n. 2, p. 419-430, 1988.

GIBON, Y.; BLAESING, O. E.; HANNEMANN, J.; CARILLO, P.; HÖHNE, M.; HENDRIKS, J. H. M.; PALACIOS, N.; CROSS, J.; SELBIG, J.; STITT, M. A robot-based platform to measure multiple enzyme activities in *Arabidopsis* using a set of cycling assays: comparison of changes of enzyme activities and transcript levels during diurnal cycles and in prolonged darkness. **The Plant Cell**, v. 16, n. 12, p. 3304-3325, 2004.

GIBON, Y.; PYL, E. T.; SULPICE, R.; LUNN, J. E.; HÖHNE, M.; GÜNTHER, M.; STITT, M. Adjustment of growth, starch turnover, protein content and central metabolism to a decrease of the carbon supply when *Arabidopsis* is grown in very short photoperiods. **Plant, Cell & Environment**, v. 32, n. 7, p. 859-874, 2009.

GIBSON, S. I. Control of plant development and gene expression by sugar signaling. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 8, n. 1, p. 93-102, 2005.

GONZALO, M. J.; VAN DER KNAAP, E. A comparative analysis into the genetic bases of morphology in tomato varieties exhibiting elongated fruit shape. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 116, n. 5, p. 647-656, 2008.

GOU, J.; STRAUSS, S. H.; TSAI, C. J.; FANG, K.; CHEN, Y.; JIANG, X.; BUSOV, V. B. Gibberellins regulate lateral root formation in *Populus* through interactions with auxin and other hormones. **The Plant Cell**, v. 22, n. 3, p. 623-639, 2010.

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, v. 9, p. 463-493, 1956.

HANNAN, M. M.; BISWAS, M. K.; AHMED, M. B.; HOSSAIN, M.; ISLAM, R. Combining ability analysis of yield and yield components in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.). **Turkish Journal of Botany**, v. 31, n. 6, p. 559-563, 2007.

HARBERD, N. P.; BELFIELD, E.; YASUMURA, Y. The angiosperm gibberellin-GID1-DELLA growth regulatory mechanism: how an “inhibitor of an inhibitor” enables flexible response to fluctuating environments. **The Plant Cell**, v. 21, n. 5, p. 1328-1339, 2009.

HEDDEN, P. The genes of the Green Revolution. **Trends in Genetics**, v. 19, n. 1, p. 5-9, 2003.

HO, L. C.; GRANGE, R. I.; PICKEN, A. J. An analysis of the accumulation of water and dry matter in tomato fruit. **Plant, Cell & Environment**, v. 10, n. 2, p. 157-162, 1987.

HO, L. C. The mechanism of assimilate partitioning and carbohydrate compartmentation in fruit in relation to the quality and yield of tomato. **Journal of Experimental Botany**, v. 47, n. Special Issue, p. 1239-1243, 1996.

HUNT, R. **Plant growth curves. The functional approach to plant growth analysis**. London: Edward Arnold Ltd., 1982. 248p.

IPGRI. **Descriptors for tomato** (*Lycopersicon* spp.). Rome: International Plant Genetic Resources Institute, 1996. 56p.

ISIK, F.; LI, B.; FRAMPTON, J. Estimates of additive, dominance and epistatic genetic variances from a clonally replicated test of loblolly pine. **Forest Science**, v. 49, p. 77-88, 2003.

ISMAIL, S. M.; MOUSA, M. A. A. Optimizing tomato productivity and water use efficiency using water regimes, plant density and row spacing under arid land conditions. **Irrigation and Drainage**, v. 63, n. 5, p. 640-650, 2014.

IZUMI, M.; HIDEEMA, J.; MAKINO, A.; ISHIDA, H. Autophagy contributes to nighttime energy availability for growth in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, v. 161, p. 1682-1693, 2013.

JASINSKI, S.; TATTERSALL, A.; PIAZZA, P.; HAY, A.; MARTINEZ-GARCIA, J. F.; SCHMITZ, G.; THERES, K.; MCCORMICK, S.; TSIANTIS, M. PROCERA encodes a DELLA protein that mediates control of dissected leaf form in tomato. **The Plant Journal**, v. 56, n. 4, p. 603-612, 2008.

JIANG, C.; GAO, X.; LIAO, L.; HARBERD, N. P.; FU, X. Phosphate starvation root architecture and anthocyanin accumulation responses are modulated by the

gibberellin-DELLA signaling pathway in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, v. 145, p.1460-1470, 2007.

JIANG, K.; LIBERATORE, K. L.; PARK, S. J.; ALVAREZ, J. P.; LIPPMAN, Z. B. Tomato yield heterosis is triggered by a dosage sensitivity of the *florigen* pathway that fine-tunes shoot architecture. **PLoS Genetics**, v. 9, n. 12, e1004043, 2013.

JI-HUA, T.; WEN-TAO, T.; JIAN-BING, Y.; XI-QING, M.; YI-JIANG, M.; JIN-RUI, D.; JIAN-SHENG, L. Genetic dissection of plant height by molecular markers using a population of recombinant inbred lines in maize. **Euphytica**, v. 155, n. 1-2, p. 117-124, 2007.

KEMBLE, J. M.; DAVIS, J. M.; GARDNER, R. G.; SANDERS, D. C. Spacing, root cell volume, and age affect production and economics of compact-growth-habit tomatoes. **HortScience**, v. 29, n. 12, p. 1460-1464, 1994.

KILEN, T. C. Inheritance of a brachytic character in soybeans. **Crop Science**, v. 17, p. 853-854, 1977.

KIRIMI, J. K.; ITULYA, F. M.; MWAJA, V. N. Effects of nitrogen and spacing on fruit yield of tomato. **African Journal of Horticultural Science**, v. 5, p. 50-60, 2011.

KOKA, C. V.; CERNY, R. E.; GARDNER, R. G.; NOGUCHI, T.; FUJIOKA, S.; TAKATSUTO, S.; YOSHIDA, S.; CLOUSE, S. D. A putative role for the tomato genes *DUMPY* and *CURL-3* in brassinosteroid biosynthesis and response. **Plant Physiology**, v. 122, p. 85-98, 2000.

KRIEGER, U.; LIPPMAN, Z. B.; ZAMIR, D. The flowering gene *SINGLE FLOWER TRUSS* drives heterosis for yield in tomato. **Nature Genetics**, v. 42, n. 5, p. 459-463, 2010.

KROUK, G., et al. Nitrate-regulated auxin transport by NRT1.1 defines a mechanism for nutrient sensing in plants. **Development Cell**, v. 18, p. 927-937, 2010.

LI, J.; CHORY, J. A putative leucine-rich repeat receptor kinase involved in brassinosteroid signal transduction. **Cell**, v. 90, p. 929-938, 1997.

LIFSCHITZ, E.; EVIATAR, T.; ROZMAN, A.; SHALIT, A.; GOLDSHMIDT, A.; AMSELLEM, Z.; ALVAREZ, J. P.; ESHED, Y. The tomato *FT* ortholog triggers systemic signals that regulate growth and flowering and substitute for diverse environmental stimuli. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 103, n. 16, p. 6398-6403, 2006.

LIFSCHITZ, E.; AYRE, B. G.; ESHED, Y. *Florigen* and anti-*florigen* - a systemic mechanism for coordinating growth and termination in flowering plants. **Frontiers in Plant Science**, v. 5, art. 465, 2014.

LIMA, J. E.; CARVALHO, R. F.; NETO, A. T.; FIGUEIRA, A.; PERES, L. E. Micro-MsK: a tomato genotype with miniature size, short life cycle, and improved in vitro shoot regeneration. **Plant Science**, v. 167, n. 4, p. 753-757, 2004.

LISSO, J.; ALTMANN, T.; MÜSSIG, C. Metabolic changes in fruits of the tomato *d<sup>x</sup>* mutant. **Phytochemistry**, v. 67, n. 20, p. 2232-2238, 2006.

LONG, S. P.; ZHU, X. G.; NAIDU, S. L.; ORT, D. R. Can improvement in photosynthesis increase crop yields?. **Plant, Cell & Environment**, v. 29, n. 3, p. 315-330, 2006.

LUNN, J. E.; FEIL, R.; HENDRIKS, J. H.; GIBON, Y.; MORCUENDE, R.; OSUNA, D.; SCHEIBLE, W. R.; CARILLO, P.; HAJIREZAEI, M. R.; STITT, M. Sugar-induced increases in trehalose 6-phosphate are correlated with redox activation of ADPglucose pyrophosphorylase and higher rates of starch synthesis in *Arabidopsis thaliana*. **Biochemistry Journal**, v. 397, p. 139-148, 2006.

MACIEL, G. M.; PAIVA, G. C.; SILVA, E. C. Herança do formato do fruto em tomateiro do grupo cereja. **Horticultura Brasileira**, v. 26, p. 495-498, 2008.

MAMIDALA, P.; NANNA, R. Efficient in vitro plant regeneration, flowering and fruiting of dwarf Tomato cv. Micro-Msk. **Plant Omics**, v. 2, n. 3, p. 98-102, 2009.

MARIM, B. G. **Herança do porte e do hábito de crescimento em tomateiro e seleção de plantas anãs para produtividade**. 2011. 69f. Tese (Doutorado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa/MG.

MAROUELLI, W. A.; SILVA, H. R.; MADEIRA, N. R. Uso de água e produção de tomateiro para processamento em sistema de plantio direto com palhada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n. 9, p. 1399-1404, 2006.

MAROUELLI, W. A.; SILVA, H. R.; SILVA, W. L. C. **Irrigação do tomate para processamento**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2012. 24p. (Embrapa Hortaliças. Circular Técnica, 102).

MARTÍ, E.; GISBERT, C.; BISHOP, G. J.; DIXON, M. S.; GARCÍA-MARTÍNEZ, J. L. Genetic and physiological characterization of tomato cv. Micro-Tom. **Journal of Experimental Botany**, v. 57, n. 9, p. 2037-2047, 2006.

MATSUKURA, C.; AOKI, K.; FUKUDA, N.; MIZOGUCHI, T.; ASAMIZU, E.; SAITO, T.; SHIBATA, D.; EZURA, H. Comprehensive resources for tomato functional genomics based on the miniature model tomato Micro-Tom. **Current Genomics**, v. 9, n. 7, p. 436-443, 2008.

MATTEDI, A. P.; GUIMARÃES, M. D. A.; NICK, C.; SILVA, D. J. H. D.; PUIATTI, M.; CARNEIRO, P. C. S. Genetic divergence of tomato subsamples. **Revista Ceres**, v. 61, n. 1, p. 70-76, 2014.

MAUREIRA, I. J.; ORTEGA, F.; CAMPOS, H.; OSBORN, T. C. Population structure and combining ability of diverse *Medicago sativa* germplasms. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 109, n. 4, p. 775-782, 2004.

McGARRY, R. C.; AYRE, B. G. Manipulating plant architecture with members of the CETS gene family. **Plant Science**, v. 188, p. 71-81, 2012.

MELO, P. C. T. Cultivares de tomate com características agrônômicas e industriais para a produção de atomatados. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 2, (Suplemento - CD Rom), 2012.

MENG, F. J.; XU, X. Y.; HUANG, F. L.; LI, J. F. Analysis of genetic diversity in cultivated and wild tomato varieties in Chinese market by RAPD and SSR. **Agricultural Sciences in China**, v. 9, n. 10, p. 1430-1437, 2010.

METWALLY, E. I.; EL-KASSAS, A. I.; EL-MONEIM, A. A.; BAYOMY, K. E. Improving the quality of the Egyptian tomato cultivar “Edkawy”. **Egyptian Journal of Plant Breeding**, v. 7, n. 1, p. 551-561, 2003.

MINGO, D. M.; BACON, M. A.; DAVIES, W. J. Non-hydraulic regulation of fruit growth in tomato plants (*Lycopersicon esculentum* cv. Solairo) growing in drying soil. **Journal of Experimental Botany**, v. 54, n. 385, p. 1205-1212, 2003.

MONTEIRO, C. S.; BALBI, M. E.; MIGUEL, O. G.; PENTEADO, P. D. S.; HARACEMIV, S. M. C. Qualidade nutricional e antioxidante do tomate “tipo italiano”. **Alimentos e Nutrição Araraquara**, v. 19, n. 1, p. 25-31, 2008.

MONTOYA, T.; NOMURA, T.; YOKOTA, T.; FARRAR, K.; HARRISON, K.; JONES, J. G.; KANETA, T.; KAMIYA, Y.; SZEKERES, M.; BISHOP, G. J. Patterns of Dwarf expression and brassinosteroid accumulation in tomato reveal the importance of brassinosteroid synthesis during fruit development. **Plant Journal**, v. 42, p. 262-269, 2005.

MOREIRA, R. M. P.; FERREIRA, J. M.; TAKAHASHI, L. S. A.; VANCONCELOS, M. E. C.; GEUS, L. C.; BOTTI, L. Potencial agrônômico e divergência genética entre genótipos de feijão-vagem de crescimento determinado. **Semina: Ciências Agrárias**, Londrina, v. 30, suplemento 1, p. 1051-1060, 2009.

MUANGPROM, A.; THOMAS, S. G.; SUN, T. P.; OSBORN, T. C. A novel dwarfing mutation in a green revolution gene from *Brassica rapa*. **Plant Physiology**, v. 137, n. 3, p. 931-938, 2005.



NADHZIMOV, U. K.; JUPE, S. C.; JONES, M. G.; SCOTT, I. M. Growth and gibberellin relations of the extreme dwarf  $d^x$  mutant. **Physiologia Plantarum**, v. 73, p. 252-256, 1988.

NAGEL, O. W.; KONINGS, H.; LAMBERS, H. Growth rate and biomass partitioning of wild-type and low-gibberellin tomato (*Solanum lycopersicum*) plants at a high and low nitrogen supply. **Physiologia Plantarum**, v. 110, p. 33-39, 2001.

NAGEL, O. W.; LAMBERS H. Changes in the acquisition and partitioning of carbon and nitrogen in the gibberellin-deficient mutants *A70* and *W335* of tomato (*Solanum lycopersicum* L.). **Plant, Cell and Environment**, v. 25, p. 883-891, 2002.

NEWBURY, H. J. **Plant Molecular Breeding**. London: Blackwell Scientific Publishers, 2003.

NOMURA, T.; KUSHIRO, T.; YOKOTA, T.; KAMIYA, Y.; BISHOP, G. J.; YAMAGUCHI, S. The last reaction producing brassinolide is catalyzed by cytochrome P-450s, CYP85A3 in tomato and CYP85A2 in *Arabidopsis*. **Journal of Biological Chemistry**, v. 280, n. 18, p. 17873-17879, 2005.

NUNES-NESE, A.; CARRARI, F.; GIBON, Y.; SULPICE, R.; LYTOVCHENKO, A.; FISAHN, J.; GRAHAM, J.; RATCLIFFE, R. G.; SWEETLOVE, L. J.; FERNIE, A. R. Deficiency of mitochondrial fumarase activity in tomato plants impairs photosynthesis via an effect on stomatal function. **The Plant Journal**, v. 50, n. 6, p. 1093-1106, 2007.

OHNISHI, T.; NOMURA, T.; WATANABE, B.; OHTA, D.; YOKOTA, T.; MIYAGAWA, H.; SAKATA, K.; MIZUTANI, M. Tomato cytochrome P450 CYP734A7 functions in brassinosteroid catabolism. **Phytochemistry**, v. 67, n. 17, p. 1895-1906, 2006.

PAPARELLI, E.; PARLANTI, S.; GONZALI, S.; NOVI, G.; MARIOTTI, L.; CECCARELLI, N.; VAN DONGEN, J. T.; KÖLLING, K.; ZEEMAN, S. C.;

PERATA, P. Nighttime sugar starvation orchestrates gibberellin biosynthesis and plant growth in *Arabidopsis*. **The Plant Cell**, v. 25, n. 10, p. 3760-3769, 2013.

PARK, S. J.; JIANG, K.; TAL, L.; YICHIE, Y.; GAR, O.; ZAMIR, D.; ESHED, Y.; LIPPMAN, Z. B. Optimization of crop productivity in tomato using induced mutations in the *florigen* pathway. **Nature genetics**, v. 46, n. 12, p. 1337-1342, 2014.

PARRY, M. A.; REYNOLDS, M.; SALVUCCI, M. E.; RAINES, C.; ANDRALOJC, P. J.; ZHU, X. G.; PRICE, G. D.; CONDON, A. G.; FURBANK, R. T. Raising yield potential of wheat. II. Increasing photosynthetic capacity and efficiency. **Journal of Experimental Botany**, v. 62, n. 2, p. 453-467, 2010.

PLUMMER, T. H.; TOMES, M. L. Effects of indoleacetic acid and gibberellic acid on normal and dwarf tomatoes. **Botanical Gazette**, v. 119, p. 197-201, 1958.

PNUELI, L.; CARMEL-GOREN, L.; HAREVEN, D.; GUTFINGER, T.; ALVAREZ, J.; GANAL, M.; ZAMIR, D.; LIFSCHITZ, E. The *SELF-PRUNING* gene of tomato regulates vegetative to reproductive switching of sympodial meristems and is the ortholog of *CEN* and *TFL1*. **Development**, v. 125, n. 11, p. 1979-1989, 1998.

POEY, F. R. Maíces enanos en México. **Agricultura de las Américas**, v. 22, p. 20-21, 1973.

PORRA, R. J.; THOMPSON, W. A.; KRIEDEMANN, P. E. Determination of accurate extinction coefficients and simultaneous equations for assaying chlorophylls *a* and *b* extracted with four different solvents: verification of the concentration of chlorophyll standards by atomic absorption spectroscopy. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA) - Bioenergetics**, v. 975, n. 3, p. 384-394, 1989.

PRACHAROENWATTANA, I.; ZHOU, W.; KEECH, O.; FRANCISCO, P. B.; UDOMCHALOTHORN, T.; TSCHOEP, H.; STITT, M.; GIBON, Y.; SMITH S. M. *Arabidopsis* has a cytosolic fumarase required for the massive allocation of

photosynthate into fumaric acid and for rapid plant growth on high nitrogen. **Plant Journal**, v. 62, p. 785-795, 2010.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. F. B.; SANTOS, J. B.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Universidade Federal de Lavras, 2012. 522p.

RANGEL, R. **Análise econômica da cultura do tomate industrial: a visão do produtor e da indústria**. In: Congresso Brasileiro de Tomate Industrial, 5, 2011, Goiânia. *Palestras...* Goiânia, Agrodefesa/FAEG/UFG/Embrapa Hortaliças/ABH. 2011.

REIS, G. G.; MULLER, M. W. **Análise de crescimento de plantas - mensuração do crescimento**. Belém, CPATU, 1979. 35p.

RIBEIRO, A. C. **Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais: 5º Aproximação**. Viçosa: Comissão de Fertilidade do solo do estado de Minas Gerais, 1999. 359p.

RICK, C. M.; BUTLER, L. Cytogenetics of tomato. **Advances of Genetics**, v. 7, p. 267-382, 1956.

RODRIGUEZ-AMAYA, D. B. **A guide to carotenoid analysis in foods**. Washington, DC: ILSI press, 2001. 64p.

RODRIGUES, G. B.; MARIM, B. G.; SILVA, D. J. H.; MATTEDI, A. P.; ALMEIDA, V. S. Análise de trilha de componentes de produção primários e secundários em tomateiro do grupo Salada. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 45, n. 2, p. 155-162, 2010.

ROLLAND, F.; BAENA-GONZALEZ, E.; SHEEN, J. Sugar sensing and signaling in plants: Conserved and novel mechanisms. **Annual Review Plant Biology**. V. 57, p. 675-709, 2006.

RUTGER, J.; PETERSON, M.; PAULUS, A.; HARVEY, O.; NELSON, J.; MEEK, V.; SIBBETT, G. S.; MARTIN, G. C.; OLSON, W.; RENDIG, V. Improved short stature rice. **California Agriculture**, v. 30, n. 6, 1976.

SEO, P. J.; XIANG, F.; QIAO, M.; PARK, J. Y.; LEE, Y. N.; KIM, S. G.; LEE, Y. H.; PARK, W. J.; PARK, C. M. The MYB96 transcription factor mediates abscisic acid signaling during drought stress response in *Arabidopsis*. **Plant Physiology**, v. 151, n. 1, p. 275-289, 2009.

SESTARI, I.; ZSÖGÖN, A.; REHDER, G. G.; TEIXEIRA, L. L.; HASSIMOTTO, N. M. A.; PURGATTO, E.; BENEDITO, V. A.; PERES, L. E. P. Near-isogenic lines enhancing ascorbic acid, anthocyanin and carotenoid content in tomato (*Solanum lycopersicum* L. cv Micro-Tom) as a tool to produce nutrient-rich fruits. **Scientia Horticulturae**, v. 175, p. 111-120, 2014.

SHALABY, T. A. Mode of gene action, heterosis and inbreeding depression for yield and its components in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). **Scientia Horticulturae**, v. 164, p. 540-543, 2013.

SHALIT, A.; ROZMAN, A.; GOLDSHMIDT, A.; ALVAREZ, J. P.; BOWMAN, J. L.; ESHED, Y.; LIFSCHITZ, E. The flowering hormone *florigen* functions as a general systemic regulator of growth and termination. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 106, n. 20, p. 8392-8397, 2009.

SINGH, B. D. **Plant Breeding: Principles and Methods**. New Delhi: Kalyani Publishers, 1993. 896p.

SOLIEMAN, T. H. I.; EL-GABRY, M. A. H.; ABIDO, A. I. Heterosis, potence ratio and correlation of some important characters in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). **Scientia Horticulturae**, v. 150, p. 25-30, 2013.

SOOST, R. K. Effects of gibberellic acid on genetic characters in two tomato lines. **Botanical Gazette**, v. 121, p. 114-118, 1959.

STITT, M.; ZEEMAN, S. C. Starch turnover: Pathways, regulation and role in growth. **Currently Opinion of Plant Biology**, v. 15, p. 282-292, 2012.

STURM, A.; TANG, G-Q. The sucrose-cleaving enzymes of plants are crucial for development, growth and carbon partitioning. **Trends in Plant Science**, v. 4, n. 10, p. 401-407, 1999.

SULPICE, R.; PYL, E. T.; ISHIHARA, H.; TRENKAMP, S.; STEINFATH, M.; WITUCKA-WALL, H.; GIBON, Y.; USADEL, B.; POREE, F.; PIQUES, M. C.; VON KORFF, M.; STEINHAUSER, M. C.; KEURENTJES, J. J. B.; GUENTHER, M.; HOEHNE, M.; SELBIG, J.; FERNIE, A. R.; ALTMANN, T.; STITT, M. Starch as a major integrator in the regulation of plant growth. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 106, n. 25, p. 10348-10353, 2009.

SUN, H. J.; UCHII, S.; WATANABE, S.; EZURA, H. A highly efficient transformation protocol for Micro-Tom, a model cultivar for tomato functional genomics. **Plant and Cell Physiology**, v. 47, n. 3, p. 426-431, 2006.

TGRC, 2015. **Tomato Genetics Resource Center**. Disponível em: <<http://tgrc.ucdavis.edu/Data/Acc/dataframe.aspx?start=GenSearch.aspx&navstart=nav.html>>. Acesso em: 01 mai. 2015.

TREGUBENKO, M. J.; NEPOMNJASCIJ, V. I. The water consumption of brachytic maize hybrids in relation their yield. **Bulletin All-Union Science-Research Maize Institute**, v. 6, p. 20-26, 1969.

USDA. **United States Standards for Grades of Tomato Sauce**. United States Department of Agriculture, Agricultural Marketing Service, Fruit and Vegetable Division, Processed Products Branch, Washington, DC, 1994.

WANG, Y.; CHEN, L.; DU, Y.; YANG, Z.; CONDON, A. G.; HU, Y. G. Genetic effect of dwarfing gene *Rht13* compared with *Rht-D1b* on plant height and some agronomic traits in common wheat (*Triticum aestivum* L.). **Field Crops Research**, v. 162, p. 39-47, 2014.

WARNER, J.; HAO, X.; ZHANG, T. Q. Effects of row arrangement and plant density on yield and quality of early, small-vined processing tomatoes. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 82, n. 4, p. 765-770, 2002.

WIESE, A.; CHRIST, M. M.; VIRNICH, O.; SCHURR, U.; WALTER, A. Spatio-temporal leaf growth patterns of *Arabidopsis thaliana* and evidence for sugar control of the diel leaf growth cycle. **New Phytologist**, v. 174, n. 4, p. 752-761, 2007.

WPTC, 2014. **World Processing Tomato Council**. Disponível em: <<http://www.wptc.to/pdf/releases/WPTC%20World%20Production%20estimate%20as%20of%203%20April%202015.pdf>>. Acesso em: 01 mai. 2015.

WU, M.; KUBOTA, C. Effects of high electrical conductivity of nutrient solution and its application timing on lycopene, chlorophyll and sugar concentrations of hydroponic tomatoes during ripening. **Scientia Horticulturae**, v. 116, n. 2, p. 122-129, 2008.

XU, Y.; ZHANG, X.; LI, Q.; CHENG, Z.; LOU, H.; GE, L.; AN, H. BdBRD1, a brassinosteroid C-6 oxidase homolog in *Brachypodium distachyon* L., is required for multiple organ development. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 86, p. 91-99, 2015.

YANG, Z.; MIDMORE, D. J. Self-organisation at the whole-plant level: a modelling study. **Functional Plant Biology**, v. 36, n. 1, p. 56-65, 2009.

YOUNG, T. E.; JUVIK, J. A.; SULLIVAN, J. G. Accumulation of the components of total solids in ripening fruits of tomato. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v. 118, n. 2, p. 286-292, 1993.

YU, M. H. The dwarf *curly* leaf tomato mutant. **Journal of Heredity**, v. 73, p. 470-472, 1982.

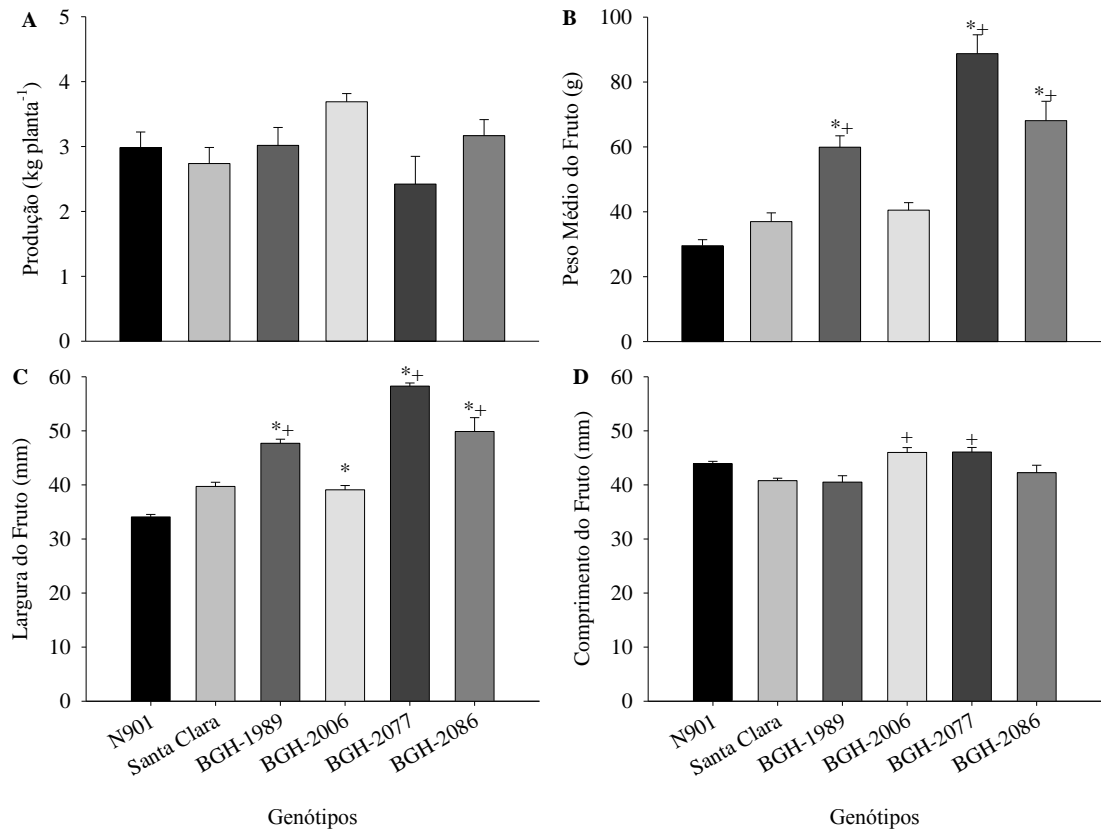
ZHAO, B.; LI, J. Regulation of brassinosteroid biosynthesis and inactivation. **Journal of Integrate Plant Biology**, v. 54, p. 746-759, 2012.

ZENEBON, O.; PASCUET, N. S.; TIGLEA, P. **Métodos físico-químicos para análise de alimentos**. São Paulo: Instituto Adolfo Lutz, 2008. 1020p.

ZEEVAART, J. A. D. Characterization of three single gene dwarf mutants of tomato. **Journal of Cell Biochemistry**, v. 10, p. 33, 1986.

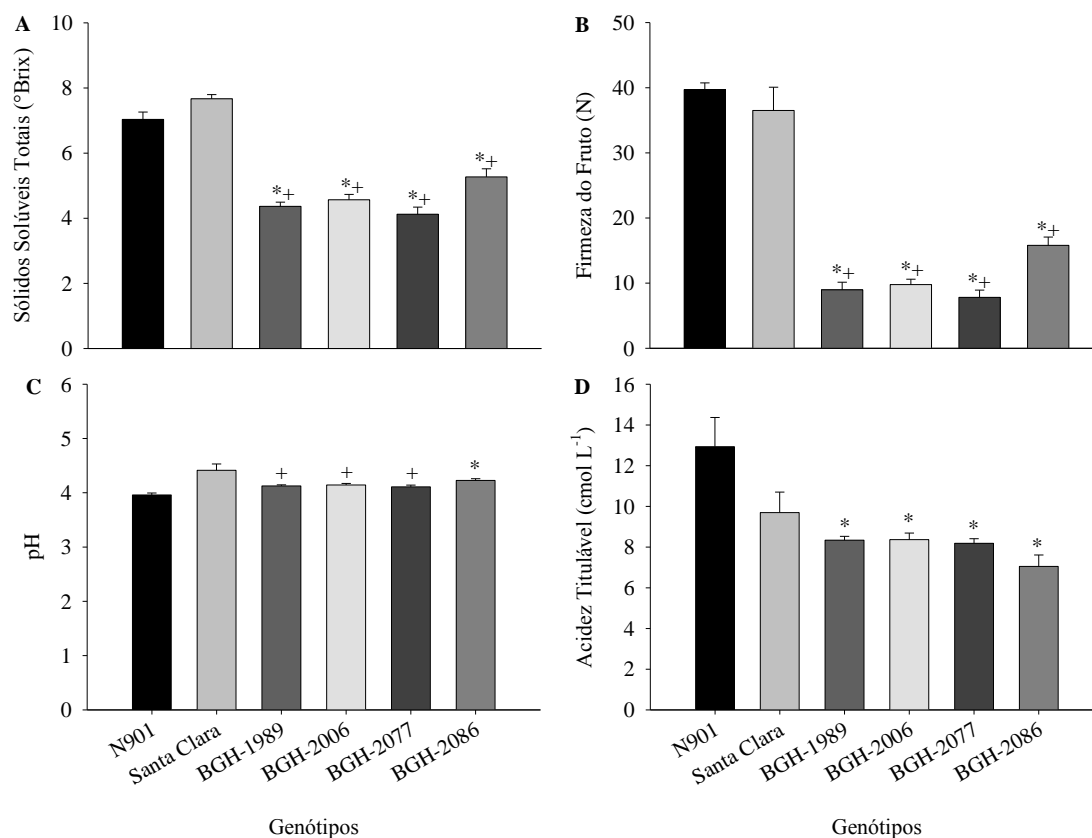
ZHU, J. Y.; SAE-SEAW, J.; WANG, Z. Y. Brassinosteroid signalling. **Development**, v. 140, n. 8, p. 1615-1620, 2013.

## ANEXO



**FIGURA SUPLEMENTAR 1.** Produção de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunha) obtidos em coletas semanais entre o 92° e 154° dia após a emergência e, morfologia de frutos obtidos em três amostras coletadas no 105°, 126° e 147° dias após a emergência. A, produção por planta; B, peso médio do fruto; C, largura do fruto e; D, comprimento do fruto. Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ).





**FIGURA SUPLEMENTAR 2.** Qualidade de frutos de tomate de fenótipo anão (acessos) e normal (testemunha) obtidos em três amostras coletadas no 105°, 126° e 147° dias após a emergência. A, sólidos solúveis totais; B, firmeza do fruto; C, pH e; D, acidez titulável. Valores representam médias  $\pm$  erro padrão de seis replicatas biológicas (uma replicata biológica foi representada por uma planta). Genótipos identificados com \* e + diferem significativamente das testemunhas N-901 e Santa Clara, respectivamente, pelo teste de Dunnett a 5% de probabilidade ( $P < 0,05$ ).

