

FÁBIO AKIYOSHI SUINAGA

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E DIVERSIDADE GENÉTICA DAS FONTES
DE RESISTÊNCIA DE *Lycopersicon* spp. E DAS POPULAÇÕES DE *Tuta*
*absoluta***

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Doctor Scientiae.”

VIÇOSA
MINAS GERAIS - BRASIL
2002

FÁBIO AKIYOSHI SUINAGA

**CAPACIDADE COMBINATÓRIA E DIVERSIDADE GENÉTICA DAS FONTES
DE RESISTÊNCIA DE *Lycopersicon* spp. E DAS POPULAÇÕES DE *Tuta*
*absoluta***

Tese apresentada à Universidade Federal de Viçosa, como parte das exigências do Programa de Genética e Melhoramento, para obtenção do título de “Doctor Scientiae.”

Aprovada: 04 de outubro de 2002

Prof. Derly José Henriques da Silva
(Conselheiro)

Prof. Marcelo Coutinho Picanço
(Conselheiro)

Pesquisador Luciano Andrade Moreira

Prof. Tuneo Sedyama

Prof. Vicente Wagner Dias Casali
(Orientador)

À Deus, pela minha abençoada vida.

Aos meus pais Cooki Suinaga e Maria Toshiko Suinaga, pelo apoio eterno.

Aos meus irmãos Wiliam, Maurício e Otávio por me ensinarem o valor da liberdade.

À minha querida esposa, Cristina Schetino Bastos, *eu te amo*.

AGRADECIMENTO

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de pós graduação em Genética e Melhoramento, pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Vicente Wagner Dias Casali, não apenas pela orientação mas também por ser uma calma em tempos de profunda turbulência.

Ao professor Derly José Henriques da Silva pelos aconselhamentos e pela eterna disponibilidade e paciência.

Ao professor Marcelo Coutinho Picanço, apenas por ser você. À sua família, Dona Kátia, Mayara, Luíza, e Marcelo Filho pelo convívio sempre alegre e sincero.

Ao professor Tuneo Sediya e ao pesquisador Luciano Andrade Moreira, pelas valorosas críticas e sugestões e pela participação na banca examinadora de defesa da tese.

Ao professor John E. Foster por abrir as portas do Departamento de Entomologia da Universidade de Nebraska-Lincoln.

Às secretárias do programa de Pós graduação em Genética e Melhoramento, Conceição e Rita pela seriedade na condução do serviço burocrático.

À secretária da Pós-graduação em Entomologia, Maria P. A. da Costa (Dona Paula), pelo modelo de amizade, bom humor e respeito para com todos. Aos funcionários Francisco Ribeiro e José Evaristo Lopes, pela cota diária de sorrisos e pelo auxílio nos cultivos do tomate.

Aos amigos Ailton Pinheiro Lôbo e Dona Cleusa Maria pela maravilhosa ajuda na condução de processos nem sempre lentos.

Ao povo brasileiro que, por intermédio dos tributos, financiou esta importantíssima etapa da minha vida profissional.

A todos aqueles que, direta ou indiretamente, contribuíram para a realização do presente trabalho.

ÍNDICE

	Página
RESUMO	vi
ABSTRACT	viii
1. INTRODUÇÃO GERAL	1
1.1 Origem e histórico do tomateiro	1
1.2 Taxonomia	1
1.3 Sistemas de acasalamento do tomateiro	2
1.4 Pragas do tomateiro	2
1.5 Variabilidade genética em <i>Tuta absoluta</i>	2
1.6 Resistência de <i>Lycopersicon</i> spp. a pragas	3
1.7 Mecanismos e causas da resistência	3
1.8 Divergência genética	4
1.9 Análise dialéctica	5
2. LITERATURA CITADA	6
Artigo I: Divergência genética de fontes de resistência de <i>Lycopersicon</i> spp. a <i>Tuta absoluta</i>	12
Resumo	13
Abstract	13
1. Introdução	14
2. Material e Métodos	16
3. Resultados	17
4. Discussão	18
5. Literatura Citada	25
Artigo II: Capacidade combinatória em sete características de resistência de <i>Lycopersicon</i> spp. a <i>Tuta absoluta</i>	29
Resumo	30
Abstract	30
1. Introdução	31
2. Material e Métodos	32
3. Resultados	34
4. Discussão	36
5. Literatura Citada	43
Manuscript III: Genetic divergence among <i>Tuta absoluta</i> (Lepidoptera: Gelechiidae) populations based on AFLP analysis	47
Abstract	48
Introduction	49
Material and Methods	50
Results	52
Discussion	53
References	61
3. CONCLUSÕES GERAIS	65

RESUMO

SUINAGA, Fábio Akiyoshi (D.S.) Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2002. **Capacidade combinatória e diversidade genética das fontes de resistência de *Lycopersicon* spp. e das populações de *Tuta absoluta*.** Orientador: Vicente Wagner Dias Casali. Conselheiros: Derly José Henriques da Silva e Marcelo Coutinho Picanço.

Esta pesquisa foi realizada com os objetivos de avaliar a diversidade de genótipos de *Lycopersicon* spp. quanto a resistência ao ataque de *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae), estudar as capacidades geral e específica de combinação do germoplasma em relação aos caracteres de resistência, e avaliar a variabilidade genética de oito populações de *T. absoluta*. Os genótipos foram quatro variedades de *Lycopersicon esculentum*: Ângela, IPA-5, Santa Clara, e TX 401-08 e seis acessos silvestres de *Lycopersicon* spp.: *L. pennellii* LA 716; *L. hirsutum* f. *typicum* LA 1777, LA 2329 e PI 126445; *L. hirsutum* f. *hirsutum* PI 127826; e *L. hirsutum* f. *glabratum* PI 134417. As características de resistência do tomateiro a *T. absoluta* avaliadas neste estudo foram: número de minas pequenas (comprimento < 0,5 cm), número de minas grandes (comprimento > 0,5 cm), mortalidade larval em percentagem, período larval em dias, peso de pupas em mg, mortalidade pupal em percentagem, e período pupal em dias. As populações de *T. absoluta* utilizadas no estudo de variabilidade foram provenientes dos Estados de Espírito Santo (Santa Tereza), Goiás (Goianópolis), Minas Gerais (Uberlândia e Viçosa), Pernambuco (Camocim de São Félix), Rio de Janeiro (São João da Barra), e São Paulo (Paulínea e Sumaré). No estudo de divergência genética de *Lycopersicon* spp. foram estimadas a distância generalizada de Mahalanobis (D^2), realizadas as análises de agrupamento de Tocher, bem como a análise por variáveis canônicas. Com base em D^2 , observou-se que os genitores mais similares foram Ângela e IPA-5, enquanto que Ângela e PI 126445 foram os mais divergentes. Os genitores foram divididos em três grupos, pelas técnicas de variáveis canônicas e Tocher. Na análise combinatória empregou-se o dialelo parcial detectando-se a predominância de efeitos gênicos aditivos na maior parte dos caracteres avaliados. Utilizando-se as estimativas de capacidade geral de combinação notou-se que os genitores

mais indicados ao melhoramento genético do tomateiro visando resistência a *T. absoluta* foram: Ângela, Santa Clara, LA 716, e LA 1777. Analisando o desempenho das combinações Ângela x LA 716, Ângela x LA 2329, Santa Clara x PI 126445, Santa Clara x PI 127826 e TX 401-08 x LA 1777 concluiu-se, com base nos valores de capacidade específica de combinação, que estes híbridos têm alto potencial de gerar populações superiores. Na realização do estudo da variabilidade entre populações de *T. absoluta* empregou-se a técnica de marcadores moleculares AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*). A partir destes dados, realizaram-se as análises de UPGMA e coordenadas principais a fim de determinar as diferenças entre as populações advindas de diversas localidades brasileiras. Estas populações foram divididas em dois grupos (A: Camocim do São Félix, Paulínea, São João da Barra, Sumaré, e Uberlândia; B: Goianópolis, Santa Tereza, e Viçosa) sendo estes, parcialmente concordantes com estudos previamente realizados de resistência deste inseto a inseticidas.

ABSTRACT

SUINAGA, Fábio Akiyoshi (D.S.) Universidade Federal de Viçosa, outubro de 2002. **Combining ability and genetic diversity of *Lycopersicon* spp. resistance sources and populations of *Tuta absoluta*.** Adviser: Vicente Wagner Dias Casali. Committee Members: Derly José Henriques da Silva e Marcelo Coutinho Picanço.

This research was carried out in order to: evaluate the genetic divergence among genotypes of *Lycopersicon* spp. regarding their resistance to *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) attack, study general and specific combining ability of these genotypes, and to estimate the genetic variability among eight populations of *T. absoluta*. The treatments (genotypes) used in this study were composed by 4 *Lycopersicon esculentum* cultivars: Ângela, IPA-5, Santa Clara, and TX 401-08; and 6 wild accessions of *Lycopersicon* spp.: *L. pennellii* LA 716; *L. hirsutum* f. *typicum* LA 1777, LA 2329 e PI 126445; *L. hirsutum* f. *hirsutum* PI 127826; e *L. hirsutum* f. *glabratum* PI 134417. The characteristics assessed in this study were: quantity of small mines (length < 0.5 cm); quantity of large mines (length > 0.5 cm); percentage of larval mortality; length of the larval phase; pupal weight; percentage of pupal mortality; and length of the pupal phase. Populations of *T. absoluta* from the states of Espírito Santo (Santa Tereza), Goiás (Goianópolis), Minas Gerais (Uberlândia and Viçosa), Pernambuco (Camocim de São Félix), Rio de Janeiro (São João da Barra), and São Paulo (Paulínea and Sumaré) were used in the study of the genetic variability of this insect. To evaluate the genetic divergence among *Lycopersicon* spp, the Mahalanobis distance (D^2) was estimated, as well as the group of genotypes based on Tocher technique and on canonical variable. Regarding D^2 , the most similar genotypes were Ângela and IPA-5, while Ângela and PI 126445 were the most divergent. Three groups of genotypes, based on Tocher technique and on canonical variables, were detected in this study. The combining ability was studied using partial diallel cross, where the main gene action was the additive effect, which was involved in the majority of characters. Considering GCA, the genotypes Ângela, Santa Clara, LA 716, e LA 1777 are the most indicated to be used in a breeding program for improving tomato resistance to *T. absoluta*. The best hybrids, based on SCA and heterosis, were

Ângela x LA 716, Ângela x LA 2329, Santa Clara x PI 126445, Santa Clara x PI 127826 and TX 401-08 x LA 1777. It was concluded that those hybrids could have a great potential in tomato breeding programs. The AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) technique was used to assess the variability among populations of *T. absoluta*. Using this data, statistical analysis (UPGMA - Unweighted Pair-Group Method, based on arithmetic averages and principal coordinate analysis) were performed to estimate the differences among Brazilian populations of *T. absoluta*. As a result, these populations were divided in two groups which partially corroborate with previous toxicological studies.

1. Introdução Geral

1.1 Origem e histórico do tomateiro

O tomate atualmente cultivado é proveniente do Novo Mundo, enquanto que os tomateiros silvestres foram provavelmente originados da zona Andina. Entretanto, com relação ao centro de domesticação, esta planta foi domesticada na região do atual México. Os cultivares inicialmente introduzidos na América Latina possuíam estigma exposto, fato que facilitava a polinização cruzada. Após numerosos ciclos de seleção, foram desenvolvidos populações com elevado número de cachos e estigma curto, fator que facilita sobremaneira a autofecundação (Rick, 1979).

1.2 Taxonomia

Anteriormente à classificação realizada por Miller, em 1788, a denominação botânica do tomateiro era *Solanum lycopersicum*. Após esta data, este autor denominou as formas cultivadas em *Lycopersicon esculentum* e as espécies silvestres de *L. pimpinellifolium* (Kalloo, 1991). Tal classificação perdurou até o fim do século XVIII, quando Karsten apregoou o uso do nome *Lycopersicon lycopersicon*. Entretanto, devido a grande popularidade da denominação proposta por Miller, o nome *Lycopersicon esculentum* foi mantido e é utilizado no tomateiro cultivado (Broome et al., 1983).

Baseado na cor dos frutos, Muller em 1940, dividiu o gênero *Lycopersicon* em dois subgêneros: *Eulycopersicon* (portadores de frutos vermelhos) e *Eryopersicon* (plantas com frutos verdes). Atualmente, o gênero *Lycopersicon* possui nove espécies reconhecidas: *L. esculentum* (Miller), *L. pimpinellifolium* (Jusl.) Mill. *L. chesmanii* Riley, *L. hirsutum* Hum. And Bonpl., *L. pennellii* (Corr.) D'Arcy, *L. chmielewskii* Rick, Kes., Fob, and Holle, *L. parviflorum* Rick, Kesicki, Fobbes and Holle, *L. chilense* Dun and *L. peruvianum* (L.) Mill (Rick, 1979; Taylor, 1986).

1.3 Sistemas de acasalamento do tomateiro

De acordo com os sistemas de acasalamento, as nove espécies conhecidas do gênero *Lycopersicon* podem ser divididas em autógamas (*L. esculentum*, *L. cheesmanii*, e *L. parviflorum*; autógamas facultativas (auto compatíveis) *L. pimpinellifolium* e *L. chmielewskii*; autógamas facultativas (auto compatíveis e incompatíveis) *L. hirsutum*, *L. pennellii*, e *L. peruvianum* e alógamas *L. chilense* (Rick, 1987). *L. esculentum*, a espécie cultivada de tomateiro, possui compatibilidade quando cruzada com *L. pimpinellifolium*, *L. hirsutum*, *L. cheesmanii*, *L. chilense*, *L. parviflorum*, *L. chmielewskii*, e *L. pennellii*.

1.4 Principais pragas do tomateiro

Com relação aos organismos praga que atacam a cultura do tomateiro, França et al. (2000) salientaram a importância econômica da traça do tomateiro - *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae), da mosca branca - *Bemisia argentifolii* (Homoptera: Aleyrodidae) do ácaro de bronzeamento - *Aculops lycopersici* (Acari: Tenuipalpidae), da mosca minadora - *Liriomyza* spp. (Diptera: Agromyzidae), dos pulgões - *Macrosiphum euphorbiae* (Homoptera: Aphididae), e dos broqueadores de fruto - *Neoleucinodes elegantalis* (Lepidoptera: Pyralidae) e *Helicoverpa zea* (Lepidoptera: Noctuidae).

1.5 Variabilidade genética em *Tuta absoluta*

A traça do tomateiro, *T. absoluta*, foi constatada pela primeira vez no Brasil em 1980 e hoje é considerada uma das principais pragas da tomaticultura nacional. O controle desta praga é feito principalmente, com inseticidas, sendo realizadas em casos extremos, até três pulverizações semanais (Guedes et al., 1995; Picanço et al., 1997). Tal fato aliado a intensiva produção agrícola, e a sobreposição de ciclos de cultivo da planta e gerações da praga podem levar a formação ou aparecimento de populações divergentes deste inseto. Tal postulado pôde ser confirmado pelos trabalhos realizados por Siqueira et al. (2000a,b; 2001) que encontraram diferenças quanto a

suscetibilidade a diversos inseticidas em populações provenientes de diversas localidades do Brasil. Neste mesmo âmbito, Moreira et al. (2002) observou variabilidade quanto a adequação alimentar de populações de *T. absoluta* quando alimentadas com diferentes espécies de *Lycopersicon* spp. Tais fatos podem indicar a existência de diferenças genéticas entre populações deste inseto.

Neste contexto, especial destaque deve ser dado a técnica de marcadores moleculares AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) devido a alta sensibilidade na detecção de diferenças genéticas (Vos et al., 1995). A utilidade desta técnica, objetivando diferenciar populações de várias localidades, foi comprovada para *Spodoptera frugiperda* (Smith) (McMitchel & Prowell, 1999), *Lymantria dispar* (L.) (Reineke et al., 1999), *Bemisia tabaci* (Genn.) (Cervera et al., 2000), e *Aedes aegypti* (L.) (Ravel et al., 2001).

1.6 Resistência de *Lycopersicon* spp. a pragas

Com relação a resistência a artrópodes, dentre as nove espécies silvestres pertencentes ao gênero *Lycopersicon*, especial destaque deve ser dado a *L. hirsutum* f. *glabratum*, *L. hirsutum* f. *hirsutum*, *L. hirsutum* f. *typicum*, e *L. pennellii* (Farrar Jr & Kennedy, 1991). Neste aspecto, o acesso PI 134417 de *L. hirsutum* f. *glabratum* apresentou resistência a *Bemisia argentifolii* Bellows & Perring (Homoptera: Aleyrodidae), *Keiferia lycopersicella* (Wals.) (Lepidoptera: Gelechiidae), *Leptinotarsa decemlineata* (Say) (Coleoptera: Chrysomelidae), *Myzus persicae* Sulzer (Homoptera: Aphididae), *Spodoptera exigua* (Hubner) (Lepidoptera: Noctuidae), e *T. absoluta* (Farrar Jr & Kennedy, 1991; Leite et al., 1999 a,b). O acesso PI 127826 de *L. hirsutum* f. *hirsutum* apresentou resistência a *B. argentifolii* e *T. absoluta* (Campos et al., 1999; Toscano & Boiça Jr., 1999). Além deste, *L. hirsutum* f. *typicum* (LA 1777, LA 2329 e PI 126445) possuem resistência a *L. decemlineata*, *S. exigua*, e *T. absoluta* (Ecole et al., 1999; Eigenbrode & Trumble, 1993, 1994; Eigenbrode et al. 1994, 1996). A introdução LA 716 de *L. pennellii*, apresenta resistência a *Liriomyza trifolii* (Burgess) (Diptera: Agromyzidae), *Macrosiphum euphorbiae* (Thomas) (Homoptera: Aphididae) e *B. argentifolii* (Goffreda et al., 1989; Hawthorne et al., 1992; Campos et al., 1999).

1.7 Mecanismos e causas da resistência

Os principais mecanismos envolvidos na resistência de tomateiros a pragas são a antibiose (Farrar Jr. & Kennedy, 1987; Eigenbrode et al., 1994; Giustolin & Vendramin, 1996; Ecole et al., 1999) e a não preferência (Leite et al., 1995, 1999 a,b). Estes mecanismos são embasados essencialmente na ação de substâncias químicas presentes nos tricomas foliares destas plantas (Channarayappa et al., 1992; Gianfagna et al., 1992; Ecole et al., 1999; Leite et al., 1999 a,b). Tais substâncias, alojadas no ápice destes tricomas, podem ser divididas de acordo com a respectiva função química em: metilcetonas, sesquiterpenos, e acilaçúcares (Farrar Jr. & Kennedy, 1991). Considerando as metilcetonas, os principais compostos de efeito deletério a artrópodes são a trideca-2-ona e a undeca-2-ona (Farrar Jr. & Kennedy, 1991; Leite et al., 1999 a,b) e dentre os sesquiterpenos, o zingibereno e o á humuleno (Hartman & St. Clair, 1998, 1999; Ecole et al., 1999).

1.8 Diversidade genética

Em programas de melhoramento baseados em hibridação, genótipos segregantes superiores são recuperados mais rápida e eficientemente quando a população-base da seleção associa a superioridade das características sob melhoramento à ampla variabilidade genética, que é oriunda da diversidade genética dos genitores envolvidos nos cruzamentos (Falconer, 1981). Desta forma, o sucesso dos programas de melhoramento dependem da escolha criteriosa dos genitores a serem cruzados.

A diversidade genética pode ser interpretada pela quantificação da heterose manifestada nos cruzamentos ou por processos preditivos, que tomam por base as diferenças agronômicas, morfológicas, e fisiológicas entre os genótipos e que não requerem a obtenção prévia das combinações híbridas (Oliveira et al., 1999).

A seleção de genitores com base em características individuais não é tão vantajosa quanto a seleção baseada em algum conjunto de características, principalmente se o objetivo é o melhoramento de características quantitativas. Quando diversas características são avaliadas simultaneamente, as distâncias genéticas relativas podem ser estimadas por procedimentos multivariados

como a distância D^2 de Mahalanobis, distância euclidiana, agrupamento pelo método de Tocher, variáveis canônicas, componentes principais e dispersão em eixos canônicos, entre outros métodos, sendo que a escolha do método é função da precisão desejada, da facilidade de análise e da forma de obtenção dos dados (Cruz & Regazzi, 1994).

A viabilidade da utilização da divergência genética como critério de seleção de genitores, visando futuros cruzamentos, tem sido relatada por diversos autores em diversas culturas: acerola (Carpentieri-Pípolo et al., 2000), arroz (Julquifar et al., 1985), berinjela (Silva et al., 1999), cacau (Dias & Kageyama, 1997), feijão (Machado et al., 2000), guaraná (Nascimento Filho et al., 1992), moranga (Amaral Júnior et al., 1996), pimentão (Oliveira et al., 1999), seringueira (Paiva, 1994), e tomate (Maluf et al., 1983).

1.9 Análise dialélica

Segundo Cruz & Vencovsky (1989), o termo dialelo tem sido empregado para expressar um conjunto de $p(p-1)/2$ híbridos, resultante do acasalamento entre p progenitores (linhagens, variedades, clones, etc.), podendo incluir, além dos respectivos pais, os híbridos recíprocos entre outros tipos de germoplasma. Ainda segundo estes autores, as diversas metodologias de análise dialélica têm por finalidade analisar o delineamento genético, viabilizando estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores destinados à hibridação e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres.

Na década de 40, Sprague & Tatum (1942) propuseram, a partir do estudo do rendimento de grãos de híbridos simples e de linhagens selecionadas e não selecionadas, o conceito de capacidade combinatória. Segundo estes autores, a capacidade geral de combinação (CGC) estaria relacionada aos efeitos gênicos aditivos, representando o comportamento médio de uma linhagem em combinações híbridas. Quanto a capacidade específica de combinação (CEC), esta característica estaria relacionada aos efeitos gênicos não-aditivos, ou seja, os efeitos de dominância e epistasia, representando assim, as interações entre *loci* de parâmetros genéticos como aditividade ou dominância. Além disto, a CEC estaria caracterizando os desvios de combinações em relação ao comportamento médio das linhagens

envolvidas. Posteriormente, Griffing (1956) analisou detalhadamente o conceito de capacidade combinatória em relação aos sistemas de cruzamentos dialélicos, pois este parâmetro vem desempenhando importante função no melhoramento vegetal e animal. Este autor sugeriu oito tipos de análise, tendo como base dois modelos, fixo e aleatório e quatro métodos experimentais assim distribuídos: 1) com a inclusão dos genitores e F_1 's, e F_1 's recíprocos; 2) genitores e F_1 's sem recíprocos; 3) F_1 's e F_1 's recíprocos, sem a inclusão dos genitores; e 4) incluindo somente F_1 's, sem as presenças dos genitores e dos recíprocos.

Entretanto, a limitação proporcionada pelo estudo de grande número de genitores e suas combinações híbridas, acarretou o surgimento de alternativas ao processo de análise dialélica de sistema completo e de meia tabela (Cruz & Regazzi, 1994). Neste aspecto, Geraldi & Miranda Filho (1988) propuseram uma adaptação ao modelo hipotetizado por Griffing (1956) visando análise e estimação de parâmetros de cruzamentos dialélicos parciais entre dois grupos distintos, propiciando assim a avaliação de maior número de populações, com o mesmo esforço empregado em cruzamentos dialélicos completos.

2. LITERATURA CITADA

- AMARAL JÚNIOR, A.T.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; FINGER, F.L. Utilização das variáveis canônicas e de análise de agrupamentos na avaliação da divergência genética entre acesso de moranga. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.14, n.2, p.182-184, 1996.
- BROOME, C.R.; TERRELL, E.E.; REVEAL, J.L. Proposal to conserve *Lycopersicon esculentum* Miller as the scientific name of the tomato. *Reports of the Tomato Genetic Cooperative*, v.33, p.55-56, 1983.
- CAMPOS, G.A., MALUF, W.R., CARDOSO, M.G., BRAGA, L.R., TEODORO, A.V., GUIMARÃES, E.R., BENITES, F.R.G., AZEVEDO, S.M., RESENDE, J.T.V. Resistência de tomateiros com altos teores de zingibereno, ou 2-tridecanona oriundos de cruzamentos interespecíficos de *Lycopersicon* a ácaros do gênero *Tetranychus*. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.3, p.33, 1999.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V., DESTRO, D.; PRETE, C.E.C.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; SILVA, F.A.M. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.35, n.8, p.1613-1619, 2000.

- CERVERA, M.T., CABEZAS, J.A., SIMÓN, B., MARTÍNEZ-ZAPATER, J.M., BEITIA, F. & CENIS, J.L. Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bulletin of Entomological Research*, v.90, n.2, p.301-306, 2000.
- CHANNARAYAPPA, C., SHIVASHANKAR, G., MUNIYAPPA, V., FRIST, R.H. Resistance of *Lycopersicon* species to *Bemisia tabaci*, a tomato leaf curl virus vector. *Canadian Journal of Botany*, v.70, n.3, p.2184-2192, 1992.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: Imprensa Universitária. 1994. 390p.
- CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.425-438, 1989.
- DIAS, L.A.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.20, n.1, p.63-70, 1997.
- ECOLE, C.C.; PICANÇO, M.; JHAM, G.N.; GUEDES, R.N.C. Variability of *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum* and possible compounds involved in its resistance to *Tuta absoluta*. *Agricultural and Forest Entomology*, v.1, p. 249-254, 1999
- EIGENBRODE, S.D.; TRUMBLE, J.T. Antibiosis to beet armyworm (*Spodoptera exigua*) in *Lycopersicon* accessions. *HortScience*, v.28, n.9, p.932-934, 1993.
- EIGENBRODE, S.D. & TRUMBLE, J.T. Fruit based tolerance to damage by beet armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) in tomato. *Environmental Entomology*, v. 23, n.4, p. 937-942, 1994.
- EIGENBRODE, S.D., TRUMBLE, J.T., MILLAR, J.G., WHITE, K.K. Topical toxicity of tomato sesquiterpenes to the beet armyworm and the role of these compounds in resistance derived from an accession of *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum*. *Journal of Agricultural Food Chemistry*, v.42, n.3, p.807-810, 1994.
- EIGENBRODE, S.D.; TRUMBLE, J.T.; WHITE, K.K. Trichome exudates and resistance to beet armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) in *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum* accessions. *Environmental Entomology*, v. 25, n.1, p. 90-95, 1996.

- FALCONER, D.S. *Introdução à genética quantitativa*. Viçosa: Imprensa Universitária, 1981. 279p.
- FARRAR JR, R.R., KENNEDY, G.G. 2-undecanone, a constituent of the glandular trichomes of *Lycopersicon hirsutum* f. *glabratum* effects on *Heliothis zea* and *Manduca sexta* growth and survival. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, v.43, n.1, p.17-23, 1987.
- FARRAR JR, R.R., KENNEDY, G.G. Relationship of leaf lamellar-based resistance to *Leptinotarsa decemlineata* and *Heliothis zea* in a wild tomato, *Lycopersicon hirsutum* f. *glabratum*, PI 134417. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, v.58, n.1, p.61-67, 1991.
- FRANÇA, F.H.; VILLAS BOAS, G.L.; CASTELO BRANCO, C.; MEDEIROS, L.A. *Manejo integrado de pragas*. In: SILVA, J.B.C. & GIORDANO, L.B. *Tomate para processamento industrial*. Brasília: EMBRAPA, 2000, p.112-128.
- 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*, Ribeirão Preto, v.11, n.2, p. 419-430, 1988.
- GIANFAGNA, T.J., CARTER, C.D., SACALIS, J.N. Temperature and photoperiod influence on trichome density and sesquiterpene content of *Lycopersicon hirsutum* f. *hirsutum*. *Plant Physiology*, v.100, n.4, p.1403-1405, 1992.
- GIUSTOLIN, T.A. & VENDRAMIM, J.D. Efeito dos aleloquímicos 2-tridecanona e 2-undecanona na biologia de *Tuta absoluta* (Meyrick). *Anais da Sociedade Entomológica do Brasil*, Londrina, v.25, n.3, p.417-422, 1996.
- GOFFREDA, J.C.; MUTSCHLER, M.A.; AVE, D.A.; TINGEY, W.M.; STEFFENS. Aphid deterrence by glucose esters in glandular trichome exudate of the wild tomato, *Lycopersicon pennellii*. *Journal of Chemical Ecology*, v.15, p.2135-2147, 1989.
- 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.
- GUEDES, R.N.C., PICANÇO, M.C., GUEDES, N.M.P., MADEIRA, N.R. Sinergismo do óleo mineral sobre a toxicidade de inseticidas para *Scrobipalpus absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.30, n.4, p.313-318, 1995.

- HARTMAN, J.B.; ST CLAIR, D.A. Variation for insect resistance and horticultural traits in tomato inbred backcross populations derived from *Lycopersicon pennellii*. *Crop Science*, v.38, n.10, 1501-1508, 1998
- HARTMAN, J.B.; ST CLAIR, D.A. Variation for aphid resistance and insecticidal acyl sugar expression among and within *Lycopersicon pennellii* derived inbred backcross lines of tomato and their F₁ progeny. *Plant Breeding*, v.118, n.3, 531-536, 1999.
- HAWTHORNE, D.J., SHAPIRO, J.A, TINGEY, W.M., MUTSCHLER, M.A. Trichome-borne and artificially applied acylsugars of wild tomato deter feeding and oviposition of the leafminer *Liriomyza trifolii*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, v.65, n.1, p.65-73, 1992.
- JULQUIFAR, A.W. VIRMANI, S.S.; CARPENA, A.L. Genetic divergence among some maintainer and restorer lines in relation to hybrid breeding rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, v.70, n.4, p.671-678, 1985.
- KALLOO, G. Introduction. In: KALLOO, G. (Ed.). *Genetic improvement of tomato*. Berlin: Springer Verlag, 1991. p. 21-38.
- LEITE, G.L.D., PICANÇO, M., SILVA, D.J.H., MATA, A.C, JHAM, G.N. Distribuição de oviposição de *Scrobipalpuloides absoluta* no dossel de *Lycopersicon esculentum*, *L. hirsutum* e *L. peruvianum*. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.13, n.1, p.47-51, 1995.
- LEITE, G.L.D., PICANÇO, M., GUEDES, R.N.C., ZANUNCIO, J.C. Influence of canopy height and fertilization levels on the resistance of *Lycopersicon hirsutum* to *Aculops lycopersici*. *Experimental and Applied Acarology*, v.23, n.2, p.633-642, 1999a.
- LEITE, G.L.D., PICANÇO, M., GUEDES, R.N.C., SKOWRONSKI, L. Effect of fertilization levels, age and canopy height of *Lycopersicon hirsutum* on resistance to *Myzus persicae*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, v.91, n.2, p.267-273, 1999b.
- LIN, S.Y.H., TRUMBLE, J.T., KUMAMOTO, J. Activity of volatile compounds in glandular trichomes of *Lycopersicon* species against to insect herbivores. *Journal of Chemical Ecology*, v.13, n.4, p.837-850, 1987.
- MACHADO, C.F.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, G.H.S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência baseada em caracteres morfo-agronômicos. *Bragantia*, Campinas, v.59, n.1, p.11-20, 2000.

- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F₁ hybrids. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.3, n.3, p.453-460, 1983.
- MCMITCHEL, M. & PROWELL, D.P. Differences in Amplified Fragment-Length Polymorphisms in fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) host strains. *Annals of the Entomological Society of America*, v.92, n.2, p.175-181, 1999.
- MOREIRA, G.R., SILVA D.J.H., PICANÇO, M.C., PETERNELLI, L.A. & CASALI, V.W.D. Diversidade genética de *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) em *Lycopersicon* spp. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.19, 201-205, 2002.
- NASCIMENTO FILHO, F.J.; CRUZ, C.D.; GARCIA, T.B. Divergência genética em plantas jovens de guaranazeiro e possibilidades no melhoramento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v.27, n.12, p.1571-1577, 1992.
- OLIVEIRA, V.R.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, P.R.G; BRACCINI, A. De L. Avaliação da diversidade genética em pimentão através de análise multivariada. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.1, p.19-24, 1999.
- PAIVA, J.R. Divergência genética entre clones primários de seringueira. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.29, n.4, p.607-615, 1994.
- PICANÇO, M., FALEIRO, F.G., PALLINI FILHO, A., MATIOLI, A.L. Perdas na produtividade do tomateiro em sistemas alternativos de controle fitossanitário. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.15, n.2, p.88-91, 1997.
- RAVEL, S., MONTENY, N., OLMOS, D.V., VERDUGO, J.E.; CUNY, G. (2001) A preliminary study of the population genetics of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Mexico using microsatellite and AFLP markers. *Acta Tropica* v.78, n.2, p.241-250, 2001.
- REINEKE, A.; KARLOVSKY, P.; ZEBITZ, C.P.W. Amplified fragment length polymorphism analysis of different geographic populations of gypsy moth, *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Lymantriidae). *Bulletin of Entomological Research*, v.89, p.79-88, 1999.
- RICK, C.M. Biosynthetic studies in *Lycopersicon* and closely related species of *Solanum*. In: HAWKES, J.G. et al. (Eds.). *The biology and taxonomy of the solanaceae*. London: Academic Press, 1979. p. 667-668.

- RICK, C.M. Genetic resources in *Lycopersicon*. In: NEVINS, D.J. & JONES, R.A. (Eds.). *Plant biology: tomato biotechnology*. New York: LISS, p.17-26, 1987.
- SILVA, D.J.H.; COSTA, C.P.; CASALI, V.W.D.; DIAS, L.A.S; CRUZ, C.D. Relação entre divergência genética de acessos de berinjela e desempenho de seus híbridos. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.2, p.129-133, 1999.
- SIQUEIRA, H.A.A., GUEDES, R.N.C.; PICANÇO, M.C. Insecticide resistance in populations of *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). *Agricultural and Forest Entomology* v.2, n.1, p.147-153, 2000a.
- SIQUEIRA, H.A.A., GUEDES, R.N.C.; PICANÇO, M.C. Cartap resistance and synergism in populations of *Tuta absoluta* (Lep., Gelechiidae). *Journal of Applied Entomology* v.124, n.2, p.233-238, 2000b.
- SIQUEIRA, H.A.A., GUEDES, R.N.C., FRAGOSO, D.B. & MAGALHÃES, L.C. Abamectin resistance and synergism in Brazilian populations of *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *International Journal of Pest Management* v.47, n.2, p. 247-251, 2001.
- SPRAGUE, G.F. & TATUM, L.A. General versus specific combining ability in single crosses of corn. *Journal of the American Society of Agronomy*, v.34, p. 923-932, 1942.
- TAYLOR, I.B. Biosystematics of the tomato. In: ATHERTON J.G. & RUDICH, J. (Eds.). *The tomato crop: a scientific basis for improvement*. London: Chapman & Hall, p.1-34, 1986.
- TOSCANO, L.C., BOIÇA Jr., A.L. Atratividade de genótipos de tomateiro *Lycopersicon* spp. a mosca branca *Bemisia argentifolii*. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.3, p.33, 1999.
- VOS, P., HOGERS, R., BLEEKER, M., REIJANS, M., VAN DE LEE, T., HORNES, M., FRIJTERS, A., POT, J., PELEMAN, J., KUIPER, M. & ZABEAU, M. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research*, v.23, p. 4407-4414, 1995.

**Artigo I: Diversidade genética de fontes de resistência de *Lycopersicon*
spp. a *Tuta absoluta***

Resumo

Realizou-se este trabalho com o objetivo de estudar a diversidade genética de *Lycopersicon* spp. ao ataque de *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). Foram avaliadas sete características de resistência (número de minas pequenas e grandes, mortalidade e períodos larvais, peso de pupas, e mortalidade e período pupais) destas plantas ao ataque do inseto. Com posse destes dados, foram estimadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2), formados os agrupamentos dos genótipos pelo método de otimização de Tocher, a dispersão gráfica dos escores das variáveis canônicas e o estudo da importância dos caracteres de resistência a *T. absoluta*. Os genótipos mais similares foram Ângela e IPA-5, enquanto que Ângela e PI 126445 foram os mais divergentes. Observou-se a partição dos genótipos utilizados em três grupos, pelas metodologias de Tocher e variáveis canônicas. Nenhuma característica de resistência pôde ser eliminada deste estudo devido a mudanças no agrupamento original.

Abstract

The objective of this research was to study the genetic divergence of *Lycopersicon* spp. regarding their resistance to *Tuta absoluta*. Seven characteristics of plant resistance were evaluated. Using these data, it was estimated the Mahalanobis' distance (D^2) between a pair of genotype, the number of groups of genotypes based on Tocher technique and on canonical variables, as well as the relative contribution of each characteristic. Based on D^2 , the most similar genotypes were Ângela and IPA-5, while Ângela and PI 126445 were the most divergent. Three groups of genotypes, based on Tocher technique and on canonical variables, were observed in this study. It was not possible to discard any of the seven characteristics.

1. Introdução

A planta do tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) é considerada como uma das mais importantes solanáceas cultivadas no mundo inteiro, tanto em cultivo convencional quanto em protegido (Hartman & St Clair, 1999). Anteriormente, os frutos desta planta eram considerados venenosos, entretanto, os avanços do conhecimento nas áreas do melhoramento genético do tomateiro e a melhoria no sistema de produção tornaram o tomate uma das mais importantes plantas cultivadas e a principal fonte de vitaminas e sais minerais utilizadas na alimentação do povo americano (Rick, 1978). Não obstante, o tomateiro possui vários problemas fitossanitários (Kalloo, 1991).

No contexto das pragas, um dos principais insetos relacionados com esta cultura é a traça do tomateiro, *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) (Picanço et al., 1997). A principal forma utilizada no controle da traça do tomateiro é a aplicação de inseticidas, que em casos extremos totalizam 40 pulverizações por ciclo de cultivo (Leite et al., 1999a). Como resultado desta prática, foram observadas falhas no controle deste inseto, resistência de *T. absoluta* a Abamectin (Siqueira et al., 2001); Cartap (Siqueira et al., 2000b); Metamidofós (Siqueira et al., 2000a), contaminação de aplicadores (Moreira & Oliveira, 1997), e diminuição da população de inimigos naturais de *T. absoluta* (Melo & Campos, 2000).

Diante deste fato, é de fundamental importância o desenvolvimento de variedades resistentes a *T. absoluta*, a fim de diminuir o número de aplicações de inseticidas nesta cultura. Assim torna-se necessário o conhecimento das possíveis fontes de resistência. Diversos estudos apontam os acessos silvestres do gênero *Lycopersicon* como resistentes a *T. absoluta*, tais como, *L. hirsutum* f. *hirsutum* (PI 127826) (Toscano & Boiça Jr., 1999), *L. hirsutum* f. *glabratum* (PI 134417) (Leite et al., 1999 a,b), *L. hirsutum* f. *typicum* (LA 1777, LA 2329, e PI 126445) (Ecole et al., 1999), e *L. pennellii* (LA 716).

Além do conhecimento dos genótipos de tomateiro portadores de resistência a *T. absoluta*, outro fator importante no melhoramento visando resistência a este inseto é o estudo da divergência genética entre os genitores, pois tal quesito é fundamental na seleção de genótipos superiores (Cruz et al., 1994). Segundo Machado et al. (2000), estes estudos têm sido de grande importância em programas de melhoramento envolvendo hibridações, por

fornecerem parâmetros na identificação de genitores que, quando cruzados, aumentam as chances de recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes.

Diversos autores têm atestado a viabilidade da distância generalizada de Mahalanobis (D^2_{ij}) e os métodos nela baseados, como ferramenta orientadora na escolha dos genitores a serem cruzados (Maluf et al., 1983; Dias & Kageyama, 1997; Machado et al., 2002). Eficiência similar tem sido relatada sobre a análise multivariada por variáveis canônicas (Amaral Júnior et al., 1996; Oliveira et al., 1999; Carpentieri-Pípolo et al., 2000; Machado et al., 2000).

Além da predição dos melhores cruzamentos a serem realizados, outro fator que pode alterar a eficiência dos programas de melhoramento genético é o número de características avaliadas na seleção dos genótipos. Neste sentido, Singh (1981) estudou a divisão da distância de Mahalanobis em partes referentes a cada variável considerada. Por este método, as características com menor contribuição na divergência entre pares de genótipos são passíveis de eliminação. Outro método de descarte de variáveis, utilizado por Lages (1998), baseia-se na metodologia de Singh (1981) e no posterior agrupamento de Tocher (Rao, 1952). Isto é, caso exista mudança no agrupamento original (na ausência de determinada variável), tal caráter não pode ser eliminado.

Este trabalho teve como objetivos avaliar a diversidade genética de 10 genótipos de *Lycopersicon* spp. por meio de procedimentos multivariados (Distância D^2 de Mahalanobis, agrupamento pelo método de Tocher, e dispersão em eixos cartesianos) a fim de orientar futuras hibridações em programas de melhoramento genético do tomateiro visando resistência a *T. absoluta* e estudar a importância relativa dos caracteres de resistência de *Lycopersicon* spp. ao ataque da traça do tomateiro.

2. Material e Métodos

Esta pesquisa foi conduzida nas casas de vegetação do Departamento de Biologia Animal (DBA), Universidade Federal de Viçosa (UFV), no período compreendido entre os meses de março a dezembro de 2000. A parcela experimental foi constituída por uma planta de tomateiro possuindo no início do experimento dois meses de idade. O delineamento experimental empregado foi o de blocos casualizados com 4 repetições. Os tratamentos foram compostos por 4 cultivares de *Lycopersicon esculentum*: Ângela (I), IPA-5(II), Santa Clara (III), e TX 401-08 e 6 acessos silvestres de *Lycopersicon* spp.: *L. pennellii* LA 716 (1); *L. hirsutum* f. *typicum* LA 1777 (2), LA 2329 (3) e PI 126445 (4); *L. hirsutum* f. *hirsutum* PI 127826 (5); e *L. hirsutum* f. *glabratum* PI 134417 (6). Os ovos de *Tuta absoluta* utilizados neste trabalho foram fornecidos pela criação massal do Laboratório de Manejo Integrado de Pragas, sendo a metodologia de criação descrita por Miranda et al. (1998).

Em cada tratamento, foram depositados 10 ovos de *T. absoluta* com dois dias de idade, no folíolo mediano de uma folha localizada no terço médio das plantas (Leite et al., 1999a). Após a eclosão das lagartas, estas folhas foram envolvidas por gaiolas de organza de 20 cm x 28 cm.

As características de resistência de acessos e cultivares de *Lycopersicon* spp. a *T. absoluta* avaliadas neste experimento foram o número de minas pequenas (NMP) (comprimento < 0,5 cm), número de minas grandes (NMG) (comprimento > 0,5 cm), mortalidade larval em percentagem (MLV), período larval em dias (PLV), peso de pupas em mg (PES), mortalidade pupal em percentagem (MPU), e período pupal em dias (PPU).

Inicialmente foram realizadas análises univariadas (teste F) em todas as características avaliadas, considerando o efeito de genótipos como fixo. Observadas as diferenças significativas pelo teste F, procedeu-se o teste de média de Scott & Knott (1974) a 5% de probabilidade. Além disto foram estimadas as distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2_{ii}) entre pares de populações; foram determinados os grupos de similaridade pela metodologia de Tocher (Rao, 1952) com base nos escores das duas primeiras variáveis canônicas; também foi feito o estudo de descarte de variáveis avaliadas neste experimento pela metodologia de Lages (1998). Utilizou-se o programa GENES (Cruz, 2001) nas análises estatísticas realizadas neste trabalho.

3. Resultados

Foram observadas diferenças significativas entre populações com relação a resistência a *Tuta absoluta* (P 0,05), pelo teste de Scott & Knott (1974). As plantas com maior número de minas pequenas (MNP) foram LA 2329 (17,25) e PI 126445 (17,25), enquanto que Santa Clara e IPA-5 tiveram as maiores médias de MNG (17,00 e 16,33 respectivamente). Os acessos que demonstraram maior impacto sob a característica MLV, foram LA 716 (100,00) e LA 1777 (100,00). As larvas de *T. absoluta* tiveram o menor período larval (PLV) quando alimentadas pela introdução PI 126445. Notou-se que nos acessos PI 126445 e PI 127826 ocorreram os menores valores de PES (0,73 e 1,72 respectivamente) e maiores índices de MPU (75,00 e 79,25 respectivamente). Por final, os acessos LA 2329 (3,50), PI 126445 (2,50), e PI 127826 (3,00) possuíram os menores valores de PPU (Quadro 1).

Detectou-se fraca colinearidade (número de condição = 89,945) na matriz de correlação residual entre as características de resistência de *Lycopersicon* spp. a *T. absoluta*. Desta forma, todas estas características foram utilizadas em posteriores análises multivariadas.

A amplitude das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D^2_{ii}) foi máxima entre 'Ângela' e PI 126445 (113,866) e mínima entre 'Ângela' e 'IPA-5' (0,146). Do ponto de vista genético, 'Ângela' e PI 126445 são os mais divergentes, enquanto que 'Ângela' e 'IPA-5' os mais similares (Quadro 2).

Com relação ao agrupamento baseado no método de Tocher, pode-se observar no Quadro 3, a partição das 10 cultivares e acessos de *Lycopersicon* spp. em três grupos. O grupo I foi formado pelos cultivares Ângela, IPA-5, e TX 401-08 (*L. esculentum*); o grupo II por Santa Clara (*L. esculentum*); e o grupo III composto pelos acessos LA 716 (*L. pennellii*), LA 1777 (*L. hirsutum* f. *typicum*), LA 2329 (*L. hirsutum* f. *typicum*); PI 126445 (*L. hirsutum* f. *typicum*), PI 127826 (*L. hirsutum* f. *hirsutum*), e PI 134417 (*L. hirsutum* f. *glabratum*). Os grupos I, II, e III contiveram respectivamente 30%, 10%, e 60% do total de populações utilizadas neste estudo.

Com base nas distâncias médias intra e intergrupos (Quadro 3), pode-se inferir que os grupos com maior distância entre si foram os grupos II e III (77,442) e I e II (77,207). Por outro lado, o agrupamento número II tende a

demonstrar menor variabilidade intrínseca por causa da menor distância intragrupo (17,932).

Conforme observado na Figura 1, as duas primeiras variáveis canônicas explicaram aproximadamente 83,66% da variação total. Desta forma, conforme critério adotado por Cruz & Regazzi (1994), pôde ser realizado o estudo da divergência genética no espaço bidimensional, com desprezível grau de distorção. Por meio da análise visual da dispersão gráfica no espaço bidimensional (Figura 1), pode-se observar a divisão dos cultivares e acessos de *Lycopersicon* spp. em três grupos, análogos àqueles formados pela metodologia de Tocher.

Com referência a importância relativa dos caracteres na divergência genética do germoplasma de *Lycopersicon* spp. estudado, segundo a metodologia aventada por Singh (1981), as características com maior influência na distância generalizada de Mahalanobis foram mortalidade pupal (MPU) e mortalidade larval (MLV), perfazendo cerca 29,307% e 27,893% da variação total. No outro extremo, encontra-se o peso de pupas de *T. absoluta* (PES) com 0,254% do total (Quadro 4).

Ainda com alusão a influência das características de resistência de *Lycopersicon* spp. ao ataque de *T. absoluta* no agrupamento dos acessos e cultivares pode-se notar que embora o peso pupal possua pequena magnitude percentual, tal caráter não pode ser eliminado da análise pois na sua ausência, houve mudança nos agrupamentos pela metodologia de Tocher (Quadro 4).

4. Discussão

Segundo Cruz & Regazzi (1994), a eficiência das técnicas de análise multivariada baseadas na matriz de correlação residual é dependente do diagnóstico de dependência linear ou multicolinearidade desta matriz, pois a colinearidade forte pode acarretar a formação de matrizes singulares ou mal condicionadas. No caso deste estudo, observou-se colinearidade fraca assegurando assim, a viabilidade das técnicas de análise multivariada.

Todos os acessos silvestres de tomateiro utilizados neste estudo demonstraram potencial com relação a resistência ao ataque de *T. absoluta* quando comparados com 'Ângela', 'IPA-5', 'Santa Clara', e 'TX 401-08'. Tal

constatação é concordante com estudos previamente realizados por Campos et al. (1999), Toscano & Boiça JR. (1999), Picanço et al. (1995), Ecole et al. (1999). A principal causa química desta resistência é a ação deletéria dos açúcares presentes em *L. pennellii* (Hawthorne et al., 1992; Hartman & St Clair, 1998 e 1999); metilcetonas em *L. hirsutum* f. *glabratum* (Leite et al., 1999a e b); e sesquiterpenos em *L. hirsutum* f. *typicum* (Ecole et al., 1999). Especial atenção deve ser dada a característica MNP, pois esta deve ser analisada de maneira conjunta com MNG. Este caráter pode indicar adequação ou inadequação do hospedeiro para a alimentação das lagartas de *T. absoluta*. Desta forma, um alto número de minas pequenas, não implica necessariamente em suscetibilidade do acesso ou cultivar a traça do tomateiro.

Os acessos e cultivares de *Lycopersicon* spp. utilizados neste estudo foram fracionados, pelas análises de agrupamento de Tocher e dispersão bidimensional dos escores das duas primeiras variáveis canônicas, em três grupos. Entretanto, sob o aspecto prático, este germoplasma pode ser dividido em dois grupos com base na resistência ao ataque da traça do tomateiro, bem como na posição taxonômica de cada genitor. Assim, segundo Cruz & Regazzi (1994), a utilização de cruzamentos dialélicos no esquema parcial pode constituir boa alternativa no melhoramento do tomateiro visando resistência a este inseto, uma vez que os recursos genéticos utilizados podem ser divididos em dois grupos. Além de orientar os cruzamentos a serem utilizados, por meio da análise dialélica é possível estimar parâmetros genéticos importantes tais como, as capacidades geral e específica de combinação, bem como o estudo da heterose das combinações híbridas (Ramalho et al., 1993).

Diversos autores como Ghaderi et al. (1984), Julquifar et al. (1985), Oliveira et al. (1999), Machado et al. (2002) recomendam a utilização de genitores com a máxima divergência genética possível, de tal modo a maximizar a heterose manifestada nos híbridos, aumentando assim a probabilidade de ocorrência de segregantes de valor. Considerando também, que um dos resultados da análise multivariada é a formação de grupos com similaridade interna e dissimilaridade externa, no momento da escolha das populações a serem cruzadas, deve-se levar em consideração se os genitores pertencem a grupos diferentes, evitando-se assim o cruzamento de indivíduos do mesmo agrupamento (Carpentieri-Pípolo et al., 2000).

Além da divergência genética, outro critério que deve ser considerado na escolha dos genitores a serem cruzados é o rendimento *per se*. Desta forma, as combinações híbridas a serem recomendadas em programas de melhoramento devem envolver, na medida do possível, genitores geneticamente divergentes e com desempenho superior (Abreu et al., 1999). Com base na divergência genética entre os acessos de *Lycopersicon* spp. e nas características de resistência ao ataque de *T. absoluta*, justifica-se a utilização destes potenciais genitores no esquema de dialelo parcial, pois embora inicialmente divididos em três grupos, podem ser alocados em dois grupos com relação a resistência ao ataque de *T. absoluta*. Neste sentido, especial atenção deve ser destinada as combinações híbridas Ângela (I) x LA 1777 (2), Ângela (I) x PI 126445 (4), IPA-5 (II) x PI 126445 (4), e Tx 401-08 (IV) x PI 126445 (4).

Além da escolha dos melhores cruzamentos, um dos fatores que oneram programas de melhoramento é a avaliação de caracteres sem contribuição. Neste aspecto, Lages (1998) sugeriu o descarte de variáveis, com base na importância relativa dos caracteres (conforme Singh, 1981) e no posterior agrupamento dos genitores pela metodologia de Tocher. No caso deste estudo, nenhuma característica de resistência pôde ser eliminada de futuras avaliações visto que realizada a análise de agrupamento desconsiderando a característica PPU, a divisão dos acessos e cultivares foi distinta da original.

Quadro 1 – Comparação entre médias de 4 plantas de 10 populações de *Lycopersicon* spp. em relação a sete características de resistência a *Tuta absoluta*. Viçosa, UFV, 2000

Populações ²	Características de resistência ¹						
	MNP	MNG	MLV	PLV	PES	MPU	PPU
I	3,75C	17,00A	0,00D	28,00A	3,04A	0,00B	7,24A
II	3,67C	16,33A	0,00D	27,50A	3,06A	0,00B	7,28A
III	3,75C	7,50B	0,00D	23,48A	4,58A	0,00B	7,29A
IV	0,00 C	5,00B	0,00D	28,75A	3,37A	0,00B	7,05A
1	3,25C	0,00C	100,00A	--	--	--	--
2	9,25B	0,00C	100,00A	--	--	--	--
3	17,25A	3,75B	80,00B	25,13A	2,41A	12,50B	3,50B
4	17,25A	0,75C	95,00A	8,00B	0,93B	75,00A	2,50B
5	9,75B	6,00B	75,00B	17,29A	1,72B	79,25A	3,00B
6	0,25C	6,00B	55,00C	33,27A	3,61A	25,00B	5,86A

* Médias seguidas pela mesma letra na vertical não diferem entre si pelo teste de Scott & Knott a 5% de probabilidade;

¹ MNP: Número de minas pequenas; MNG: Número de minas grandes; MLV: Mortalidade larval; PES: Peso pupal; PLV: Período larval; MPU: Mortalidade pupal; PPU: Período pupal;

² I: Ângela; II: IPA-5; III: Santa Clara; IV: TX- 401-08

1: LA 716, 2: LA 1777, 3: LA 2329; 4: PI 126445, 5: PI 127826, e 6: PI 134417

Quadro 2 – Medidas de dissimilaridade genética (D^2) entre pares de populações de *Lycopersicon* spp. em relação a sete caracteres de resistência a *Tuta absoluta*

G ¹	I	II	III	IV	1	2	3	4	5	6
I	---	0,146	75,029	30,054	96,823	100,025	65,327	113,866	63,982	54,020
II	---	---	68,914	26,597	92,688	95,863	62,789	109,532	61,102	50,837
III	---	---	---	35,239	82,411	83,790	80,362	91,278	71,626	55,184
IV	---	---	---	---	75,291	84,364	63,445	104,149	63,745	31,873
1	---	---	---	---	---	2,416	23,081	15,062	9,601	23,660
2	---	---	---	---	---	---	21,143	6,005	6,776	32,031
3	---	---	---	---	---	---	---	21,509	12,260	17,200
4	---	---	---	---	---	---	---	---	10,823	47,061
5	---	---	---	---	---	---	---	---	---	20,366
6	---	---	---	---	---	---	---	---	---	---

¹ I: Ângela; II: IPA-5; III: Santa Clara; IV: TX- 401-08 ; 1: LA 716, 2: LA 1777, 3: LA 2329; 4: PI 126445, 5: PI 127826, 6: PI: 134417

Quadro 3 - Distâncias médias intra e intergrupos de *Lycopersicon* spp. com base no agrupamento de Tocher

Grupos (Genótipos)	I (I, II, e IV)	II (III)	III (1, 2, 3, 4, 5, e 6)
I (I, II, e IV)	18,932	77,207	59,727
II (III)	---	17,932	77,442
III (1, 2, 3, 4, 5, e 6)	---	---	---

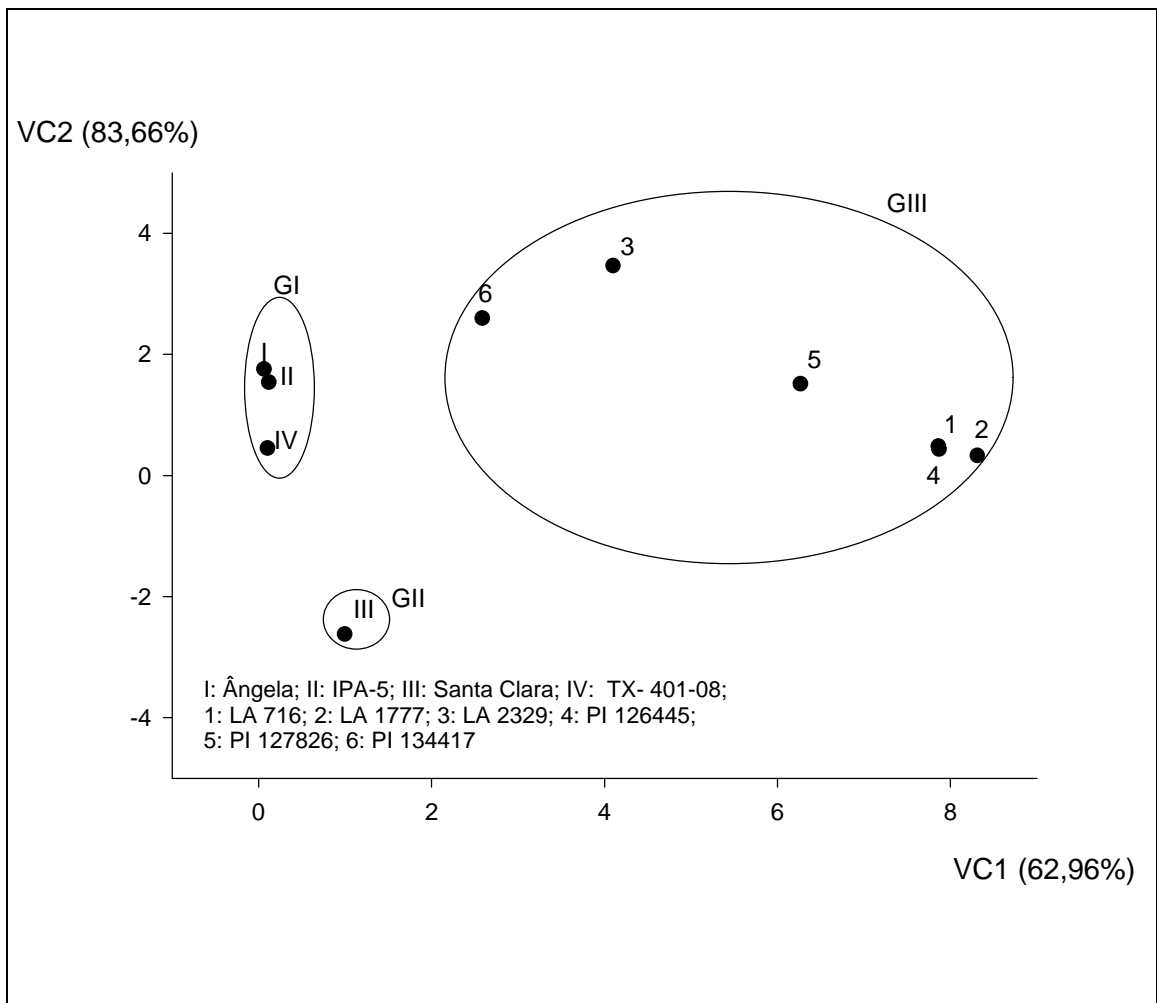


Figura 1 - Dispersão de escores de 10 populações de tomateiro em relação às duas primeiras variáveis canônicas (VC1 e VC2) e variância acumulada (%), tendo como base características de resistência de tomateiros a *Tuta absoluta*. Viçosa, UFV, 2001.

Quadro 4 - Agrupamento de 10 populações de tomateiro e contribuição relativa das características de resistência de tomateiros a *Tuta absoluta*. Viçosa, UFV, 2001

Agrupamentos	Grupos	Populações ¹	Contribuição Relativa das Características
1º	I	I, II, e IV	<p>Contribuição relativa (%)</p> <p>Características de resistência</p> <p>1: Mortalidade Pupal 2: Mortalidade Larval 3: Período Larval 4: Período Pupal 5: Minas Pequenas 6: Minas Grandes 7: Peso Pupal</p>
	II	III	
	III	1, 2, 3, 4, 5, e 6	
2º	I	I, II, III e IV	<p>Contribuição relativa (%)</p> <p>Características de resistência</p> <p>1: Mortalidade Larval 2: Mortalidade Pupal 3: Período Larval 4: Período Pupal 5: Minas Pequenas 6: Minas Grandes</p>
	II	1, 2, 4 e 5	
	III	3 e 6	

¹ I: Ângela; II: IPA-5; III: Santa Clara; IV: TX- 401-08 ; 1: LA 716, 2: LA 1777, 3: LA 2329; 4: PI 126445, 5: PI 127826, 6: PI: 134417

* Característica eliminada do 2º agrupamento.

5. LITERATURA CITADA

- ABREU, A. de F.B.; RAMALHO, M.A.P.; FERREIRA D.F. Selection potential for seed yield from intra and inter-racial populations in common bean. *Euphytica*, v.108, n.2, p.121-127, 1999.
- AMARAL JÚNIOR, A.T.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; FINGER, F.L. Utilização das variáveis canônicas e de análise de agrupamentos na avaliação da divergência genética entre acesso de moranga. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.14, n.2, p.182-184, 1996.
- CAMPOS, G.A.; MALUF, W.R.; CARDOSO, M.G.; BRAGA, L.R.; TEODORO, A.V.; GUIMARÃES, E.R.; BENITES, F.R.G.; AZEVEDO, S.M.; RESENDE, J.T.V. Resistência de tomateiros com altos teores de zingibereno, ou 2-tridecanona oriundos de cruzamentos interespecíficos de *Lycopersicon* a ácaros do gênero *Tetranychus*. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.3, p.33, 1999.
- CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; DESTRO, D.; PRETE, C.E.C.; GONZALES, M.G.N.; POPPER, I.; ZANATTA, S.; SILVA, F.A.M. Seleção de genótipos parentais de acerola com base na divergência genética multivariada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.35, n.8, p.1613-1619, 2000.
- CRUZ, C.D. *Programa GENES: aplicativo computacional em genética e estatística*. Viçosa: UFV, 2001. 442p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. Viçosa: UFV. 1994. 390p.
- CRUZ, C.D.; CARVALHO, S.P.; VENCOVSKY, R. Estudos sobre divergência genética. II. Eficiência da predição do comportamento de híbridos com base na divergência dos progenitores. *Revista Ceres*, Viçosa, v.41, n.234, p.183-190, 1994.
- DIAS, L.A.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.20, n.1, p.63-70, 1997.
- ECOLE, C.C.; PICANÇO, M.; JHAM, G.N.; GUEDES, R.N.C. Variability of *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum* and possible compounds involved in its resistance to *Tuta absoluta*. *Agricultural and Forest Entomology*, v.1, p.249-254, 1999.

- GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and fava bean. *Crop Science*, v.14, n.1, p.24-27, 1984.
- HARTMAN, J.B.; ST CLAIR, D.A. Variation for insect resistance and horticultural traits in tomato inbred backcross populations derived from *Lycopersicon pennellii*. *Crop Science*, v.38, n.10, 1501-1508, 1998.
- HARTMAN, J.B.; ST CLAIR, D.A. Variation for aphid resistance and insecticidal acyl sugar expression among and within *Lycopersicon pennellii* derived inbred backcross lines of tomato and their F₁ progeny. *Plant Breeding*, v.118, n.3, 531-536, 1999.
- HAWTHORNE, D.J.; SHAPIRO, J.A; TINGEY, W.M.; MUTSCHLER, M.A. Trichome-borne and artificially applied acylsugars of wild tomato deter feeding and oviposition of the leafminer *Liriomyza trifolii*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, v.65, n.1, p.65-73, 1992.
- JULQUIFAR, A.W.; VIRMANI, S.S.; CARPENA, A.L. Genetic divergence among some maintainer and restorer lines in relation to hybrid breeding rice (*Oryza sativa* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, v.70, n.4, p.671-678, 1985.
- KALLOO, G. Introduction. In: KALLOO, G. (Ed.). *Genetic improvement of tomato*. Berlin: Springer Verlag, 1991. p.21-38.
- LAGES, S.L.R. *Importância das características de crescimento, de qualidade da madeira e da polpa na diversidade genética de clones de eucalipto*. Viçosa, UFV, 1998. 103p. Tese mestrado.
- LEITE, G.L.D.; PICANÇO, M.; GUEDES, R.N.C.; ZANUNCIO, J.C. Influence of canopy height and fertilization levels on the resistance of *Lycopersicon hirsutum* to *Aculops lycopersici*. *Experimental and Applied Acarology*, v.23, n.2, p.633-642, 1999a.
- LEITE, G.L.D.; PICANÇO, M.; GUEDES, R.N.C.; SKOWRONSKI, L. Effect of fertilization levels, age and canopy height of *Lycopersicon hirsutum* on resistance to *Myzus persicae*. *Entomologia Experimentalis et Applicata*, v.91, n.2, p.267-273, 1999b.
- MACHADO, C.F.; SANTOS, J.B. dos; NUNES, G.H.S. Escolha de genitores de feijoeiro por meio da divergência baseada em caracteres morfo-agronômicos. *Bragantia*, Campinas, v.59, n.1, p.11-20, 2000.

- MACHADO, C.F.; NUNES, G.H.S.; FERREIRA, D.F.; SANTOS, J.B. dos. Divergência genética entre genótipos de feijoeiro a partir de técnicas multivariadas. *Ciência Rural*, Santa Maria, v.32, n.2, p.251-258, 2002.
- MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F₁ hybrids. *Revista Brasileira de Genética*, Ribeirão Preto, v.3, n.3, p.453-460, 1983.
- MELO, M.; CAMPOS, A.D. Ocorrência de inimigos naturais da traça-do-tomateiro *Tuta absoluta* (Meyrick, 1917) (Lepidoptera: Gelechiidae) em Pelotas, Rio Grande do Sul. *Agropecuária de Clima Temperado*, Porto Alegre, v.3, n.2, p.269-274, 2000.
- MIRANDA, M.M.M., PICANÇO, M.C., ZANUNCIO, J.C. & GUEDES, R.N.C. Ecological life table of *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *Biocontrol Science and Technology*, v.8, p.597-606, 1998.
- MOREIRA, L.F.; OLIVEIRA, J.S. Análise de resíduos de metamidofós em frutos de tomate, água e solo da região agrícola de Viçosa-MG. *Revista Ceres*, Viçosa, v.44, n.252, p.161-168, 1997.
- OLIVEIRA, V.R.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; PEREIRA, P.R.G; BRACCINI, A. de L. Avaliação da diversidade genética em pimentão através de análise multivariada. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.1, p.19-24, 1999.
- PICANÇO, M.C.; SILVA, D.J.H.; LEITE, G.L.D.; MATA, A.C.; JHAM, G.N. Intensidade de ataque de *Scrobipalpus absoluta* (Meyrick, 1917) ao dossel de três espécies de tomateiro. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, Brasília, v.30, n.2, p.429-433, 1995.
- PICANÇO, M.; FALEIRO, F.G.; PALLINI FILHO, A.; MATIOLI, A.L. Perdas na produtividade do tomateiro em sistemas alternativos de controle fitossanitário. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.15, n.2, p.88-91, 1997.
- RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMAN, M.J.O. *Genética quantitativa aplicada em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia: UFG, 1993. 271p.
- RAO, C.R. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley, 1952. 390p.
- RICK, C.M. The tomato. *American Scientist*, v.239, p.76-87, 1978.

- SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. *Biometrics*, v.30, n.3, p.507-512, 1974.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, v.41, n.2, p.237-245, 1981.
- SIQUEIRA, H.A.A., GUEDES, R.N.C.; PICANÇO, M.C. Insecticide resistance in populations of *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). *Agricultural and Forest Entomology*, v.2, 147-153, 2000a.
- SIQUEIRA, H.A.A., GUEDES, R.N.C. & PICANÇO, M.C. Cartap resistance and synergism in populations of *Tuta absoluta* (Lep., Gelechiidae). *Journal of Applied Entomology* v.124, n.3, 233-238, 2000b.
- SIQUEIRA, H.A.A., GUEDES, R.N.C., FRAGOSO, D.B.; MAGALHÃES, L.C. Abamectin resistance and synergism in Brazilian populations of *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *International Journal of Pest Management*, v.47, 247-251, 2001.
- TOSCANO, L.C., BOIÇA Jr., A.L. Atratividade de genótipos de tomateiro *Lycopersicon* spp. a mosca branca *Bemisia argentifolii*. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v.17, n.3, p.33, 1999.

**Artigo II: Capacidade combinatória de sete caracteres de resistência de
Lycopersicon spp. a *Tuta absoluta***

Resumo

Com o objetivo de estudar as capacidades específica e geral de combinação (CEC e CGC, respectivamente) entre dois grupos de *Lycopersicon* spp., obtiveram-se híbridos interespecíficos de tomateiro utilizando-se o modelo de cruzamento dialélico parcial. Foram avaliadas sete características de resistência destes grupos ao ataque de *Tuta absoluta*. Foram observadas diferenças significativas quanto a maioria das características com relação às capacidades geral e específica de combinação. Baseado na CGC, 'Ângela', 'Santa Clara', e os acessos LA 716, e LA 1777 são os genitores mais indicados a serem incluídos em programas de melhoramento do tomateiro que visem aumentar a resistência a *T. absoluta*. As combinações híbridas com maiores valores conjuntos de CEC e heterose foram Ângela x PI 126445, Ângela x PI 127826, IPA-5 x LA 1777, e Santa Clara x LA 716.

Abstract

Using the partial diallel methodology, interspecific hybrids of tomato were obtained, in order to study the general and specific combining abilities (GCA and SCA, respectively) between two groups of *Lycopersicon* spp. Seven characteristics of tomato resistance to *Tuta absoluta* were evaluated in this research. It was observed, significant differences regarding the majority of the evaluated traits. Based on GCA, 'Ângela', 'Santa Clara', LA 716, e LA 1777 are the most indicated to be used in a breeding program for improving the tomato resistance to *T. absoluta*. The best hybrids, considering SCA and heterosis, were Ângela x PI 126445, Ângela x PI 127826, IPA-5 x LA 1777, and Santa Clara x LA 716.

1. Introdução

A traça do tomateiro, *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae), foi constatada pela primeira vez no Brasil em 1980 estando hoje dentre as principais pragas da tomaticultura nacional (Guedes et al., 1995; Picanço et al., 1997).

O controle desta praga é feito principalmente com inseticidas, sendo realizadas em casos extremos, até três pulverizações semanais. Como consequência do uso indiscriminado de inseticidas tem-se verificado a eliminação das populações de inimigos naturais (Melo & Campos, 2000), contaminação do meio ambiente (Moreira & Oliveira, 1997), e o desenvolvimento de resistência da praga ao inseticida (Siqueira et al., 2000 e 2001).

Neste panorama, dentre as principais formas de reduzir a dependência dos pesticidas na agricultura está o desenvolvimento de plantas resistentes a insetos. Assim, a resistência de plantas é importante ferramenta no manejo integrado de pragas, pois constitui-se tática efetiva, econômica e sustentável (Pedigo, 2002).

Desta forma, diversas espécies silvestres de tomateiro têm sido identificadas como fontes de resistência a insetos, destacando-se: *Lycopersicon hirsutum* f. *glabratum* (PI 134417) expressando resistência a *Leptinotarsa decemlineata* (Coleoptera: Chrysomelidae), *Spodoptera exigua* (Lepidoptera: Noctuidae), *Bemisia argentifolii* (Homoptera: Aleyrodidae), *Myzus persicae* (Homoptera: Aphididae) e *Keiferia lycopersicella* (Lepidoptera: Gelechiidae) (Farrar & Kennedy, 1991; Leite et al., 1999 a,b; Lin & Trumble, 1986). Os acessos PI 127826 e PI 127827 de *L. hirsutum* f. *hirsutum* tem resistência a *T. absoluta* e *B. argentifolii* (Campos et al., 1999; Toscano & Boiça Jr., 1999). Além destes, *L. hirsutum* f. *typicum* (LA 1777, LA 2329 e PI 126445) possuem resistência a *L. decemlineata*, *S. exigua*, *T. absoluta* (Eigenbrode & Trumble, 1993, 1994; Eigenbrode et al. 1994, 1996; Ecole et al., 1998). A introdução LA 716 de *L. pennellii*, apresentou resistência a *Liriomyza trifolii* (Diptera: Agromyzidae), *Macrosiphum euphorbiae* (Homoptera: Aphididae) e *B. argentifolii* (Hawthorne et al., 1992; Goffreda et al., 1989; Campos et al., 1999).

Apesar da detecção de fontes promissoras de resistência à traça-do-tomateiro, nos programas de melhoramento que visam incorporar tais

características agronômicas, perde-se o nível adequado de resistência a esta praga. As causas de tal fato podem ser atribuídas a diversos fatores: a dificuldade na transferência das características de resistência aos cultivares comerciais susceptíveis e ao desconhecimento da genética da resistência (Farrar & Kennedy 1987, 1991).

Segundo Ramalho et al. (1993) e Amaral Júnior et al. (1996), a melhor alternativa nesta situação, seria o desenvolvimento de híbridos visando a recombinação da variabilidade propiciando cultivares adaptados às novas demandas. Contudo, de modo que tal intento tenha sucesso, torna-se indispensável o comportamento *per se* dos genitores e das combinações híbridas. Neste contexto, os sistemas de cruzamentos dialélicos são importante alternativa de avaliação dos genótipos, pois além de indicar os melhores híbridos, auxiliam na escolha dos genitores mais promissores a serem utilizados nos programas de hibridação (Cruz & Regazzi, 1994).

Neste contexto os objetivos deste trabalho foram avaliar o potencial genético e a capacidade de combinação entre grupos de genitores de *Lycopersicon* spp. quanto a resistência a *Tuta absoluta*.

2. Material e Métodos

Este experimento foi conduzido nas casas de vegetação do Departamento de Biologia Animal da Universidade Federal de Viçosa, no período compreendido entre os meses de março a dezembro de 2000. A parcela experimental foi constituída por uma planta de tomateiro com dois meses de idade, no delineamento experimental em blocos casualizados com quatro repetições (Quadro 1). Os insetos utilizados foram provenientes da criação massal do laboratório de Manejo Integrado de Pragas da UFV, conforme metodologia desenvolvida por Miranda et al. (1998).

Foram obtidos 24 híbridos provenientes dos cruzamentos em esquema dialélico parcial, entre genitores do grupo I: Ângela, IPA-5, Santa Clara e TX 401-08 de *Lycopersicon esculentum* (padrões de suscetibilidade a *T. absoluta*) e genitores pertencentes ao grupo II (portadores de resistência a *T. absoluta*): *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum* (LA 1777, LA 2329 e PI 126445); *L. hirsutum* f. *glabratum* (PI 134417), *L. hirsutum* f. *hirsutum* (PI 127826); e *L. pennellii* (LA

716). Nestas plantas, foram inoculados 10 ovos de *T. absoluta* nos folíolos medianos do terço médio do limbo, sendo que, a partir da eclosão as lagartas de *T. absoluta* foram confinadas em gaiolas de organza de 20 x 28 cm. Os caracteres avaliados neste experimento foram:

- a) Número de minas pequenas (MNP): amostrado pela contagem de minas com comprimento inferior a 0,5 centímetros;
- b) Número de minas grandes (MNG): número de minas com comprimento superior a 0,5 centímetros;
- c) Mortalidade larval (MLV): percentagem da mortalidade de lagartas de *T. absoluta*;
- d) Período larval (PLV): período em dias entre a eclosão da lagarta de *T. absoluta* até formação da pupa;
- e) Peso de pupas (PES): peso em mg de pupas de *T. absoluta*;
- f) Mortalidade pupal (MPU): percentagem da mortalidade de pupas de *T. absoluta*;
- g) Período pupal (PPU): período (dias) compreendido entre o primeiro estágio pupal e a emergência do adulto de *T. absoluta*.

A análise dialélica parcial foi realizada de acordo com o Método 2 (pais e $F_{1's}$), Modelo I (efeito de genótipo fixo), de Griffing (1956) adaptado a dialelos parciais por Geraldi & Miranda Filho (1988). As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa computacional GENES (Cruz, 2001).

Quadro 1 – Esquema da análise de variância dos caracteres relacionados com a resistência de tomateiros a *T. absoluta*. Viçosa, UFV, 2000

FV	GL	QM	E(QM)	F
Blocos	b-1	QMB	$\sigma^2 + g\sigma_b^2$	
Genótipos	g-1	QMG	$\sigma^2 + r\sigma_g^2$	QMG/QMR
Resíduo	(b-1)(g-1)	QMR	σ^2	

3. Resultados

Análise de variância

Com referência as populações de *Lycopersicon* spp., detectaram-se diferenças significativas em todos os caracteres de resistência a *T. absoluta* ($P < 0,01$). Fato similar foi observado na fonte de variação grupos, onde todas as características foram estatisticamente diferentes ($P < 0,01$), exceção feita apenas quanto ao número de minas pequenas (MNP) com significância menor que 5% (Quadro 2).

Nos genitores pertencentes ao grupo I os efeitos de capacidade geral de combinação (CGC grupo I) não foram significativos ($P < 0,05$) quanto a mortalidade larval (MLV); peso, mortalidade, e período pupais (PES, MPU, e PPU respectivamente). Tal tendência não foi observada quanto a capacidade geral de combinação do grupo II, pois não foram detectadas diferenças significativas ($P < 0,05$) quanto ao período pupal. Não foi observado efeito significativo ($P < 0,05$) da capacidade específica de combinação do número de minas grandes (MNG). Todas as características avaliadas tiveram maiores quadrados médios da CGC (para ambos os grupos) quando comparados aos correspondentes CEC (Quadro 2).

Além dos testes de significância, os coeficientes de variação experimental e determinação genotípica foram expostos no Quadro 2. Nota-se alto coeficiente de variação experimental em todas as características avaliadas. Entretanto tal fato não foi detrimental ao coeficiente de determinação genotípica, com valor mínimo de 69,78% do período pupal, atestando assim a confiabilidade na representação dos valores genotípicos pelos valores fenotípicos.

Capacidade combinatória

As estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação [CGC(g_i)] dos genitores pertencentes aos grupos I e II, bem como àquelas referentes a

capacidade específica de combinação [CEC(s_{ii} e s_{ij})] estão expostos nos Quadros 3 e 4.

No cultivar Santa Clara do grupo I foram constatados os menores valores g_i de MNP(-2,93) e MNG (-1,49). Por outro lado, no genitor Ângela, observaram-se os maiores valores de CGC nas características PLV (2,42) e MPU (3,22). Considerando os genótipos pertencentes ao grupo II e o caractere MNP, os genitores com menor contribuição foram LA 716 (-4,38) e PI 134417 (-2,43). O genitor que influenciou negativamente o número de minas grandes foi LA 716 (-2,36). Fato similar foi observado nos acessos LA 1777 (-0,35) e LA 716 (-0,21), com relação ao caráter PES. Opostamente, tais genótipos tenderam a aumentar a expressão dos caracteres de mortalidades larval e pupal (Quadro 3).

Em alusão as estimativas de CEC (s_{ii}), estas foram negativas em todos os genitores quanto as características MNP e MLV. O cultivar Santa Clara (-0,49) e PI 127826 (0,45) apresentaram os maiores valores de MNP e Santa Clara (-24,31) e PI 134417 (-28,47) as menores estimativas de MLV. Quanto aos caracteres PLV, PES e PPU tais valores também foram negativos com exceção do acesso PI 134417 (9,00, 1,45 e 1,37 respectivamente). Observou-se no acesso silvestre LA 2329 o menor valor de CEC da característica MPU (13,34).

Com relação a MNP, nota-se que a combinação híbrida Santa Clara x PI 126445 (-9,83) revelou o menor valor de CEC (s_{ij}), enquanto que no caráter PES foram notados menores estimativas de CEC nos híbridos Santa Clara x PI 127826 (-1,33) e Santa Clara x PI 134417 (-1,15). Contrariamente os cruzamentos que contribuíram positivamente com o aumento das características MLV, MPU, e PPU foram respectivamente Santa Clara x PI 127826 (30,43), Ângela x LA 2329 (22,08), e Santa Clara x LA 1777 (2,07) (Quadro 4).

Heterose

O híbrido com os maiores valores negativos de heterose nas características MNP e MNG, foi Santa Clara x LA 716 (-99,4 e -66,7 respectivamente). Quanto a característica PES, a combinação híbrida na qual foi observado o menor valor heterótico foi Santa Clara x PI 134417 (-57,2). Por

outro lado, os cruzamentos que expuseram os maiores valores de heterose na característica MLV foram IPA-5 x PI 134417 (172,7) e Santa Clara x PI 134417 (154,5). Os maiores valores de heterose, considerando o caráter PLV, foram obtidos em Ângela x LA 716 (135,1) e Ângela x LA 1777 (117,8). Nas características MPU e PPU, os cruzamentos com as maiores magnitudes de heterose foram Ângela x LA 2329 (364,0) e TX 401-08 x LA 1777 (132,1), respectivamente (Quadro 5).

4. Discussão

Em comparação a maior parte dos estudos envolvendo cruzamentos dialélicos visando aumento na expressão dos caracteres envolvidos na produção, a interpretação dos caracteres de resistência a insetos possui peculiaridades. Tomando como exemplo as características avaliadas neste estudo deve-se atentar tanto na magnitude das estimativas bem como no sinal das mesmas. Assim, visando o aumento do grau de resistência em híbridos de tomateiro, deve-se localizar genótipos que possuam altas magnitudes positivas para as estimativas de g_i e s_{ij} das características de ciclo de vida e mortalidade e o oposto para as características do número de minas e peso de pupas de *T. absoluta*.

Todas as características de resistência de *Lycopersicon* spp. a *T. absoluta* foram significativas ($P < 0,05$), indicando a existência de variabilidade genética entre os genitores testados, fator de importância capital na determinação das estimativas a respeito do controle genético destas características. De maneira geral, houve predominância dos efeitos gênicos aditivos (exceção feita ao caráter PPU), demonstrados pela comparação entre a média dos quadrados dos efeitos de CGC e CEC. Assim, conforme aventado por Amaral Júnior et al. (1996), a melhor estratégia a ser seguida neste caso, seria o emprego de métodos intrapopulacionais de melhoramento. Por outro lado, analisando isoladamente a característica PPU, a utilização de práticas interpopulacionais que objetivem a capitalização dos efeitos heteróticos seria o mais recomendado neste caso.

Conforme preconizado por DeVerna & Paterson (1991), altas estimativas de CGC, em valores absolutos, ocorrem geralmente em genitores cujas

freqüências de alelos favoráveis são consistentemente maiores ou menores do que a freqüência média dos alelos favoráveis em todos os genitores envolvidos no dialelo. Além disto, Hallauer & Miranda Filho (1988) aventam a hipótese que tais valores são indicativos da importância dos genes que são predominantemente aditivos em seus efeitos. Desta forma, os genitores com maiores valores de CGC poderão estar presentes em programas de melhoramento genético cujo objetivo seja a seleção de linhagens derivadas de populações segregantes a partir de cruzamentos com os genitores testados (Carvalho et al., 1999). Considerando as magnitudes e os sinais das estimativas de g_i , os genitores pertencentes ao grupo I e as características MNP, MNG, e PLV as cultivares Santa Clara e Ângela são os genitores mais indicados a serem incluídos em programas de melhoramento do tomateiro que visem aumentar a resistência a *T. absoluta*. Com referência aos genitores do grupo II e as características MNP, MNG, MLV, PLV, PES, e PPU, os acessos LA 716 e LA 1777 são os mais recomendados a programas de melhoramento objetivando resistência a *T. absoluta*. Estes genótipos foram escolhidos pois, possuem contribuições negativas, ou seja atuaram na diminuição do número de minas pequenas e grandes, peso de pupas da traça do tomateiro e, por outro lado, aumentaram a expressão da mortalidade e período larvais, bem como a mortalidade de pupas deste inseto.

A respeito das estimativas de CEC, Cruz & Vencovsky (1989) relataram que estes valores, nos modelos aditivo-dominante, correspondem na medida de divergência genética entre o genitor i e os demais presentes no dialelo. Assim, quanto maior o valor absoluto de s_{ij} , maior será a divergência genética do genitor i em relação aos demais. Ainda segundo Cruz & Vencovsky (1989), outro fator importante a ser analisado é o sinal das estimativas de s_{ij} , pois quando este é negativo, o genitor i contribuirá positivamente com a heterose; no caso contrário negativamente e quando for zero ou próximo deste, a divergência genética deste genitor com os demais será pequena ou nula e a heterose das combinações híbridas entre o genitor i tende a ser pequena. Desta forma, os genitores Ângela e Santa Clara (grupo I) e os acessos LA 716 e PI 134417 (grupo II) podem ter as maiores divergências genéticas, manifestar positiva ou negativamente a heterose, e contribuir na elevação das características relativas a mortalidade e ciclo de vida da traça do tomateiro,

bem como, diminuir aquelas referentes ao número de minas e peso de pupas de *T. absoluta*.

Segundo Griffing (1956), as melhores combinações devem possuir altos valores de s_{ij} e altas estimativas de CGC. Além destes quesitos, a avaliação da heterose presente nestes híbridos pode auxiliar na escolha das melhores combinações (Amaral Júnior et al., 1996). Assim, baseado nas estimativas de capacidade geral e específica, e no valor heterótico destes híbridos as combinações Ângela x LA 716, Ângela x LA 2329, Santa Clara x PI 126445, Santa Clara x PI 127826 e TX 401-08 x LA 1777 têm alto potencial no melhoramento genético do tomateiro visando resistência a *T. absoluta*, por haver pelo menos um genitor com altas CGC e CEC, e também expressivo valor heterótico.

Quadro 2 – Resumo das análises de variâncias, estimativas dos quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC), da capacidade específica de combinação (CEC), média, coeficiente de variação (C.V.) e coeficiente de determinação genotípica (CDG) dos sete caracteres de resistência a *Tuta absoluta* em tomateiros. Viçosa, UFV, 2000

FV	Quadrados Médios ¹							
	GL	MNP	MNG	MLV	PLV	PES	MPU	PPU
Blocos	3	48,01	13,31	734,54	162,25	1,49	185,98	11,84
Tratamentos	33	272,82**	62,42**	3153,69**	298,97**	4,03**	3194,32**	19,11**
Grupos ²	1	180,15*	821,04**	62076,10**	2142,19**	43,90**	50431,39**	264,20**
CGC Grupo I	3	254,22**	91,66**	741,61 ^{ns}	267,65*	1,03 ^{ns}	376,12 ^{ns}	15,26 ^{ns}
CGC Grupo II	5	402,92**	64,37**	1281,29**	367,85**	2,58*	3716,38**	8,11 ^{ns}
CEC I x II	24	251,90**	26,75 ^{ns}	1390,18**	211,74**	3,05**	1469,62**	11,67*
Resíduo	99	40,29	17,72	453,30	88,47	1,06	432,30	5,77
Média	---	12,37	7,85	56,69	24,36	2,51	19,39	5,77
C.V. (%)	---	51,32	53,60	37,56	38,62	41,04	107,26	41,61
CDG	---	85,23	71,61	85,63	70,41	73,61	86,47	69,78
Média dos quadrados dos efeitos		MNP	MNG	MLV	PLV	PES	MPU	PPU
(1/3) g_i^2 Grupo I		84,74	30,55	---	89,22	---	---	---
(1/5) g_i^2 Grupo II		80,58	12,87	256,26	73,57	0,52	743,28	---
(1/24) s_{ij}^2		10,50	---	57,92	8,82	0,13	61,23	0,49
		40,29	17,72	453,30	88,47	1,06	432,30	5,77

**,*: P < 0,01 e P < 0,05, respectivamente.

¹ MNP: Número de minas pequenas; MNG: Número de minas grandes; MLV: Mortalidade larval; PES: Peso pupal; PLV: Período larval; MPU: Mortalidade pupal; PPU: Período pupal.

² Grupos I: I: Ângela; II: IPA-5; III: Santa Clara; IV: TX- 401-08

II: 1: LA 716, 2: LA 1777, 3: LA 2329; 4: PI 126445, 5: PI 127826, e 6: PI 134417

Quadro 3 – Estimativas dos efeitos da capacidade geral (\hat{g}_i) de combinação dos sete caracteres de resistência a *Tuta absoluta* em tomateiros. Viçosa, UFV, 2000

Genótipos	Caracteres ¹ /Efeitos g_i						
	MNP	MNG	MLV	PLV	PES	MPU	PPU
Ângela	0,74	1,27	-4,88	2,42	0,14	3,22	0,42
IPA-5	3,03	1,33	2,15	-1,82	-0,23	1,02	-0,50
Santa Clara	-2,93	-1,49	4,79	-2,62	0,00	-0,13	-0,55
TX 401-08	-0,84	-1,12	-2,06	2,01	0,09	-4,10	0,64
LA 716	-4,38	-2,36	8,33	-3,49	-0,21	7,90	-0,51
LA 1777	0,89	-0,90	6,82	-2,73	-0,35	11,17	-0,43
LA 2329	3,49	0,58	-4,40	4,59	0,26	-13,58	0,64
PI 126445	4,52	0,50	0,57	-2,22	-0,18	1,51	-0,31
PI 127826	-2,09	0,49	-6,07	0,43	0,17	6,05	0,03
PI 134417	-2,43	1,69	-5,26	3,42	0,32	-13,05	0,57

¹ MNP: Número de minas pequenas; MNG: Número de minas grandes; MLV: Mortalidade larval; PES: Peso pupal; PLV: Período larval; MPU: Mortalidade pupal; PPU: Período pupal.

Quadro 4 – Estimativas dos efeitos da capacidade específica de combinação (s_{ii} and s_{ij}) dos sete caracteres de resistência a *Tuta absoluta* em tomateiros. Viçosa, UFV, 2000

Efeitos s_{ij}	Caracteres ¹						
	MNP	MNG	MLV	PLV	PES	MPU	PPU
I	-7,84	1,77	-4,97	-8,99	-0,86	12,00	-2,11
II	-12,51	0,99	-19,04	-1,02	-0,12	16,40	-0,23
III	-0,49	-2,20	-24,31	-3,43	0,94	18,70	-0,11
IV	-8,42	-5,45	-10,61	-7,42	-0,43	26,63	-2,74
1	-2,36	1,15	-10,65	-10,45	-1,09	31,20	-2,33
2	-6,90	-1,77	-7,63	-11,97	-0,82	24,66	-2,48
3	-4,11	-0,97	-5,20	-1,48	0,36	-13,34	-1,11
4	-6,18	-3,81	-0,13	-4,99	-0,23	18,97	-0,23
5	-0,45	1,46	-6,84	-0,99	-0,14	14,16	-0,41
6	-9,26	-0,95	-28,47	9,00	1,45	-1,90	1,37
Efeitos s_{ij}	MNP	MNG	MLV	PLV	PES	MPU	PPU
I x 1	-0,10	-2,54	9,02	9,20	1,05	-28,40	1,91
I x 2	8,38	-0,25	13,70	6,02	0,25	-23,42	1,46
I x 3	6,19	-0,73	4,91	-2,72	0,02	22,08	-0,27
I x 4	4,16	-0,56	-10,05	6,66	0,35	-0,26	1,15
I x 5	-5,64	0,37	-18,41	1,30	0,34	13,45	-0,54
I x 6	2,70	0,16	10,78	-2,46	-0,29	-7,45	0,50
II x 1	-1,23	-0,10	8,49	0,35	0,08	-1,20	-0,17
II x 2	-5,16	0,20	-9,59	9,01	1,21	-23,22	1,63
II x 3	-1,77	0,22	-10,37	2,06	-0,06	-0,47	1,44
II x 4	16,95	3,05	17,91	-5,26	-0,52	-11,56	-1,62
II x 5	6,31	-4,69	7,89	7,43	0,69	0,65	1,79
II x 6	9,91	-0,65	23,75	-11,56	-1,16	3,00	-2,62
III x 1	-4,93	-3,02	17,77	4,32	0,07	-25,05	1,63
III x 2	8,14	1,94	15,28	3,81	-0,56	9,18	-0,19
III x 3	-1,05	-0,96	3,75	1,74	-0,06	4,68	-0,05
III x 4	-9,83	3,62	-34,72	8,67	1,14	-11,41	1,43
III x 5	0,78	1,38	30,43	-8,59	-1,33	-23,20	-1,78
III x 6	7,88	1,43	16,11	-3,09	-1,15	8,40	-0,82
IV x 1	10,98	3,35	-13,96	7,02	0,99	-7,75	1,27
IV x 2	2,46	1,64	-4,12	5,10	0,73	-11,85	2,07
IV x 3	4,86	3,42	12,10	1,86	-0,61	0,40	1,11
IV x 4	1,08	1,50	27,13	-0,08	-0,52	-14,70	-0,51
IV x 5	-0,56	0,01	-6,22	1,84	0,58	-19,23	1,35
IV x 6	-1,97	0,97	6,30	-0,89	-0,30	-0,14	0,19

¹ MNP: Número de minas pequenas; MNG: Número de minas grandes; MLV: Mortalidade larval; PES: Peso pupal; PLV: Período larval; MPU: Mortalidade pupal; PPU: Período pupal.

² I: Ângela; II: IPA-5; III: Santa Clara; IV: TX- 401-08

1: LA 716, 2: LA 1777, 3: LA 2329; 4: PI 126445, 5: PI 127826, e 6: PI 134417

Quadro 5 – Estimativas das médias (m) e heterose percentual (h) de sete caracteres de resistência de 24 híbridos de tomateiro a *Tuta absoluta*. Viçosa, UFV, 2000

Híbridos ²	Caracteres ¹													
	MNP		MNG		MLV		PLV		PES		MPU		PPU	
	m	h	m	h	m	h	m	h	m	h	m	h	m	h
I x 1	8,5	142,9	4,5	-47,1	66,8	33,7	32,9	135,1	3,5	133,0	0,0	-100,0	7,8	113,6
I x 2	22,3	242,3	8,3	-2,9	70,0	40,0	30,5	117,8	2,6	71,1	8,3	-83,5	7,4	103,2
I x 3	22,7	115,9	9,3	-10,8	50,0	25,0	29,1	9,5	3,0	9,8	29,0	364,0	6,7	24,9
I x 4	21,7	106,4	9,3	5,2	40,0	-15,8	31,7	75,8	2,9	44,9	21,8	-42,0	7,2	47,6
I x 5	5,3	-22,2	10,3	-10,9	25,0	-33,3	28,9	27,8	3,2	35,2	40,0	0,9	5,8	13,9
I x 6	13,3	562,5	11,3	-2,2	55,0	100,0	28,2	-8,1	2,7	-17,4	0,0	-99,9	7,4	13,3
II x 1	9,7	179,5	7,0	-14,3	73,3	46,7	19,8	44,2	2,2	45,0	25,0	-50,0	4,8	30,2
II x 2	11,0	70,3	8,8	7,1	53,8	7,5	29,3	112,7	3,2	109,6	6,3	-87,5	6,6	81,6
II x 3	17,0	62,5	10,3	2,1	41,8	4,4	29,6	12,6	2,6	-6,5	4,3	-32,1	7,5	39,2
II x 4	36,8	251,4	13,0	52,2	75,0	57,9	15,5	-12,7	1,6	-17,4	8,3	-78,0	3,5	-28,4
II x 5	19,5	190,7	5,3	-53,0	58,3	55,6	30,8	37,7	3,2	34,1	25,0	-36,9	7,3	41,1
II x 6	22,8	10,61	10,5	-6,0	75,0	172,7	14,8	-51,2	1,5	-54,7	8,3	-34,0	3,4	-48,6
III x 1	0,0	-99,4	1,3	-66,7	85,3	70,5	23,0	95,9	2,4	6,3	0,0	-100,0	6,5	77,8
III x 2	18,3	182,0	7,7	104,4	81,3	62,5	23,3	98,0	1,7	-27,2	37,5	-25,0	4,8	30,0
III x 3	11,8	11,9	6,3	11,1	58,5	46,2	28,5	17,3	2,8	-20,2	8,3	32,0	6,0	10,4
III x 4	4,0	-61,9	10,8	160,6	25,0	-47,4	28,6	81,9	3,5	28,3	7,3	-80,7	6,5	32,8
III x 5	8,0	18,5	8,5	25,9	83,5	122,7	14,0	-31,3	1,4	-55,1	0,0	-100,0	3,6	-29,5
III x 6	14,8	637,5	9,8	44,4	70,0	154,5	22,5	-20,7	1,8	-57,2	12,5	0,0	5,1	-22,0
IV x 1	18,0	1004,3	8,0	219,9	46,7	-6,7	30,3	111,0	3,4	103,7	13,3	-73,3	7,3	107,4
IV x 2	14,8	218,6	7,8	209,9	55,0	10,0	29,2	102,9	3,0	80,1	12,5	-75,0	8,2	132,1
IV x 3	19,8	128,9	11,0	151,4	60,0	50,0	33,3	23,4	2,3	-19,9	0,0	-100,0	8,3	57,5
IV x 4	17,0	97,0	9,0	213,0	80,0	68,4	24,5	33,3	2,0	-8,7	0,0	-100,0	5,8	20,4
IV x 5	8,8	79,3	7,5	36,4	40,0	6,7	29,1	26,2	3,4	33,8	0,0	-100,0	8,0	58,2
IV x 6	7,0	52,84	9,7	75,8	53,3	93,9	29,3	-5,4	2,7	-23,2	0,0	-94,4	7,3	13,6

¹ MNP: Número de minas pequenas; MNG: Número de minas grandes; MLV: Mortalidade larval; PES: Peso pupal; PLV: Período larval; MPU: Mortalidade pupal; PPU: Período pupal.

² I: Ângela; II: IPA-5; III: Santa Clara; IV: TX- 401-08 e 1: LA 716, 2: LA 1777, 3: LA 2329; 4: PI 126445, 5: PI 127826, e 6: PI 134417

5. Literatura Citada

- AMARAL JÚNIOR, A.T.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; FINGER, F.L. Utilização das variáveis canônicas e de análise de agrupamentos na avaliação da divergência genética entre acesso de moranga. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.14, n.2, p.182-184, 1996.
- CAMPOS, G.A.; MALUF, W.R.; CARDOSO, M.G.; BRAGA, L.R.; TEODORO, A.V.; GUIMARÃES, E.R.; BENITES, F.R.G.; AZEVEDO, S.M.; RESENDE, J.T.V. Resistência de tomateiros com altos teores de zingibereno, ou 2-tridecanona oriundos de cruzamentos interespecíficos de *Lycopersicon* a ácaros do gênero *Tetranychus*. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.17, n.3, p.33, 1999.
- CARVALHO, A.C.P.P. de; LEAL, N.R.; RODRIGUES, R.; COSTA, F.A. Capacidade de combinação para oito caracteres agrônômicos em cultivares de feijão-de-vagem de crescimento determinado. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n.2, p.102-105, 1999.
- CRUZ, C.D. **Programa GENES**: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 442p.
- CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV. 1994. 390p.
- CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.12, n.2, p.425-438, 1989.
- DeVERNA, J.W.; PATERSON, A.H. Genetics of *Lycopersicon*. In: KALLOO, G. (Ed.). **Genetic improvement of tomato**. Berlin: Springer Verlag, 1991. p.21-38.
- ECOLE, C.C.; PICANÇO, M.; JHAM, G.N.; GUEDES, R.N.C. Variability of *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum* and possible compounds involved in its resistance to *Tuta absoluta*. **Agricultural and Forest Entomology**, v.1, p. 249-254, 1998.
- EIGENBRODE, S.D.; TRUMBLE, J.T. Antibiosis to beet armyworm (*Spodoptera exigua*) in *Lycopersicon* accessions. **HortScience**, v.28, p.932-934, 1993.

- EIGENBRODE, S.D.; TRUMBLE, J.T. Fruit based tolerance to damage by beet armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) in tomato. **Environmental Entomology**, v.23, n.4, p.937-942, 1994.
- EIGENBRODE, S.D.; TRUMBLE, J.T.; MILLAR, J.G.; WHITE, K.K. Topical toxicity of tomato sesquiterpenes to the beet armyworm and the role of these compounds in resistance derived from an accession of *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum*. **Journal of Agricultural Food Chemistry**, v.42, n.3, p.807-810, 1994.
- EIGENBRODE, S.D.; TRUMBLE, J.T.; WHITE, K.K. Trichome exudates and resistance to beet armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) in *Lycopersicon hirsutum* f. *typicum* accessions. **Environmental Entomology**, v.25, n.1, p.90-95, 1996.
- FARRAR JR, R.R.; KENNEDY, G.G. 2-undecanone, a constituent of the glandular trichomes of *Lycopersicon hirsutum* f. *glabratum* effects on *Heliothis zea* and *Manduca sexta* growth and survival. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, v.43, n.1, p.17-23, 1987.
- FARRAR JR, R.R.; KENNEDY, G.G. Relationship of leaf lamellar-based resistance to *Leptinotarsa decemlineata* and *Heliothis zea* in a wild tomato, *Lycopersicon hirsutum* f. *glabratum*, PI 134417. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, v.58, n.1, p.61-67, 1991.
- 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**, Ribeirão Preto, v.11, n.2, p.419-430, 1988.
- GOFFREDA, J.C.; MUTSCHLER, M.A.; AVE, D.A.; TINGEY, W.M.; STEFFENS. Aphid deterrence by glucose esters in glandular trichome exudate of the wild tomato, *Lycopersicon pennellii*. **Journal of Chemical Ecology**, v.15, p.2135-2147, 1989.
- 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.
- GUEDES, R.N.C.; PICANÇO, M.C.; GUEDES, N.M.P.; MADEIRA, N.R. Sinergismo do óleo mineral sobre a toxicidade de inseticidas para *Scrobipalpus absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.30, n.4, p.313-318, 1995.

- HALLAUER, S.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. 2ed. Ames: Iowa State University Press, 1988, 468p.
- HAWTHORNE, D.J.; SHAPIRO, J.A.; TINGEY, W.M.; MUTSCHLER, M.A. Trichome-borne and artificially applied acylsugars of wild tomato deter feeding and oviposition of the leafminer *Liriomyza trifolii*. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, v.65, n.1, p.65-73, 1992.
- LEITE, G.L.D.; PICANÇO, M.; GUEDES, R.N.C.; ZANUNCIO, J.C. Influence of canopy height and fertilization levels on the resistance of *Lycopersicon hirsutum* to *Aculops lycopersici*. **Experimental and Applied Acarology**, v.23, n.2, p.633-642, 1999a.
- LEITE, G.L.D.; PICANÇO, M.; GUEDES, R.N.C.; SKOWRONSKI, L. Effect of fertilization levels, age and canopy height of *Lycopersicon hirsutum* on resistance to *Myzus persicae*. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, v.91, n.2, p.267-273, 1999b.
- LIN, S.Y.H.; TRUMBLE, J.T. Resistance in wild tomatoes to larvae of a specialist herbivore *Keiferia lycopersicella*. **Entomologia Experimentalis et Applicata**, v.41, n.1, p.53-60, 1986.
- MELO, M.; CAMPOS, A.D. Ocorrência de inimigos naturais da traça-do-tomateiro *Tuta absoluta* (Meyrick, 1917) (Lepidoptera: Gelechiidae) em Pelotas, Rio Grande do Sul. **Agropecuária de Clima Temperado**, Porto Alegre, v.3, n.2, p. 269-274, 2000.
- MIRANDA, M.M.M.; PICANÇO, M.C.; ZANUNCIO, J.C.; GUEDES, R.N.C. Ecological life table of *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). **Biocontrol Science and Technology**, v.8, 597-606, 1998.
- MOREIRA, L.F.; OLIVEIRA, J.S. Análise de resíduos de metamidofós em frutos de tomate, água e solo da região agrícola de Viçosa-MG. **Revista Ceres**, Viçosa, v.44, n.252, p.161-168, 1997.
- PEDIGO, L.P. **Entomology and pest management**. New Jersey: Prentice Hall, 2002. 742p.
- PICANÇO, M.; FALEIRO, F.G.; PALLINI FILHO, A.; MATIOLI, A.L. Perdas na produtividade do tomateiro em sistemas alternativos de controle fitossanitário. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.15, n.2, p.88-91, 1997.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMAN, M.J.O. **Genética quantitativa aplicada em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro.** Goiânia: UFG, 1993. 271p.

SIQUEIRA, H.A.A.; GUEDES, R.N.C.; PICANÇO, M.C. Insecticide resistance in populations of *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). **Agricultural and Forest Entomology**, v.2, 147-153, 2000.

SIQUEIRA, H.A.A.; GUEDES, R.N.C.; FRAGOSO, D.B.; MAGALHÃES, L.C. Abamectin resistance and synergism in Brazilian populations of *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). **International Journal of Pest Management**, v.47, 247-251, 2001.

TOSCANO, L.C.; BOIÇA JR., A.L. Atratividade de genótipos de tomateiro *Lycopersicon* spp. a mosca branca *Bemisia argentifolii*. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.17, n.3, p.33, 1999.

Manuscript III: Genetic divergence among *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae) populations based on AFLP analysis

Abstract

It was reported in this research, the genetic differences among eight populations of *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) from the states of Espírito Santo (Santa Tereza), Goiás (Goianópolis), Minas Gerais (Uberlândia and Viçosa), Pernambuco (Camocim de São Félix), Rio de Janeiro (São João da Barra), and São Paulo (Paulínea and Sumaré), Brazil, using the Amplified Fragment Length Polymorphism (AFLP) technique. Fifteen combinations of *EcoRI* and *MseI* primers were used to assess the divergence of these populations. The data were analyzed using Unweighted Pair-Group Method, based on arithmetic averages (UPGMA) bootstrap analysis and principal coordinate analysis. Using a multilocus approach, these populations were divided in two groups, based on genetic fingerprints; 1) Goianópolis, Santa Tereza, and Viçosa populations and 2) Camocim de São Félix, Paulínea, São João da Barra, Sumaré, and Uberlândia populations. These results were congruent with previously identified differences in susceptibility to insecticides.

Introduction

The tomato leaf miner *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) is an oligophagous pest which damages eggplants, green peppers, and especially tomatoes (Picanço et al., 1995). It is one of the most important insect pests of tomato in the Neotropical region, mainly in South America (Picanço et al., 1998). *T. absoluta* has economic importance as a pest in Argentina, Bolívia, Brazil, Chile, Colombia, Ecuador, Peru, Uruguay and Venezuela (Polvony, 1975; Carballo et al., 1981; Picanço et al., 1997).

T. absoluta not only feeds on tomatoes plants leaves but also on their stems, apices, flowers, and fruits. In high densities, this insect is capable of causing significant losses both in the leaves and in fruit yield (Souza et al., 1992). Damage from this pest is analogous to that caused by other tomato Gelechiidae pests, such as *Keiferia lycopersicella* (Wals.) and *Phthorimea operculella* (Zell.). The former can be found in the Central and North Americas and the latter in Africa, Asia, and Europe as well as in the Americas (Ehora et al., 1994; Schuster et al., 1996; Shipp et al., 1998).

In order to control this pest, farmers typically do more than 36 insecticide spray applications within a single crop cycle. As a consequence, reduced efficiency and control failure of the insecticides used against *T. absoluta* have been reported in Brazil (Guedes et al., 1994; Siqueira et al., 2000b) and in Chile (Salazar and Araya, 1997). Siqueira et al. (2000a) showed differences among Brazilian populations of *T. absoluta*, in susceptibility to abamectin, cartap, methamidophos, and permethrin. This trend was also observed by Picanço et al. (2002) with different insecticides. Despite this fact, there has been no investigation of molecular divergence among these populations.

A recently developed technique for assessing molecular differences among populations is the Amplified Fragment Length Polymorphisms (AFLP; Vos et al., 1995). Because of the vast number of loci available, AFLP has a great potential to discover genetic divergences (McMitchel and Prowell, 1999). Also, this technique has demonstrated to be a sensitive and powerful tool for distinguishing genotypes from different geographic origins as well as providing sufficient molecular markers for characterizing insect genomes (Parsons and Shaw, 2001). Several examples support the methodology of AFLP for genetic studies of insect populations such as: *Spodoptera frugiperda* (Smith) (McMitchel

and Prowell, 1999), *Lymantria dispar* (L.) (Reineke et al., 1999), *Bemisia tabaci* (Genn.) (Cervera et al., 2000), and *Aedes aegypti* (L.) (Ravel et al., 2001). This present study aimed to assess the genetic divergence among Brazilian populations of *T. absoluta*, known to differ in insecticide resistance using Amplified Fragment Length Polymorphism analysis.

Material and Methods

Insect Populations

Eight populations of *T. absoluta* from the states of Espírito Santo, Goiás, Minas Gerais, Pernambuco, Rio de Janeiro, and São Paulo were used in this study. All populations (except from Sumaré) were resistant to Abamectin, Cartap, Methamidophos, and Permethrin (Siqueira et al., 2000a; Picanço et al., 2002) (Table 1). Colonies of *T. absoluta* were initially established by at least 500 larvae obtained of heavily infested plants from each sampling site. Each population was reared isolated from the others, on tomato plants of Santa Clara cultivar, without insecticide exposure, enclosed in cages and maintained in a greenhouse. All samples were composed of 4th instar larvae and were fixed and stored in 70% ethanol.

DNA isolation

DNA was extracted from fifteen individual larvae per population, using the entire body, following cetyltrimethylammonium bromide (CTAB) protocol (Reineke et al., 1998). DNA pellets were dissolved in 20 μ L of TE buffer and short term stored at 4°C. The quantity of DNA in each preparation was estimated by electrophoresis of 1 μ L of each suspension on 0.8% agarose gels containing 0.2 μ g/mL of ethidium bromide and then comparing band intensity with known quantities of lambda phage DNA.

AFLP analysis

Templates for AFLP reactions were prepared following Vos et al. (1995), using approximately 200 ng of genomic DNA for restriction digests with the

endonucleases *Eco* RI[®] (Amersham Pharmacia Biotech Inc., Piscataway, NJ, USA) and *Mse* I[®] (New England Biolabs, Beverly, MA, USA) and ligation of adapters (Table 2). The restriction-ligation mixtures (RLM) were diluted 1:10 in TE buffer and these products served as templates for further pre amplification reactions. These reaction volumes were 25.5 μ L, and composed of 2.5 μ L of RLM, 0.5 μ L of *Ampli*Taq[®] DNA Polymerase (Applied Biosystems, Foster City, CA, USA), 20 μ L of AFLP[®] Pre-Amp Primer Mix II (Life Technologies, Gaithersburg, MD, USA; containing primers E0 and MC; Table 2), and 2.5 μ L of 10 X PCR buffer[®] plus 15 mM MgCl₂ (Applied Biosystems). PCR amplifications were performed in an Applied Biosystems 9700 thermocycler using 20 cycles. Each cycle comprised of 30 sec at 94 °C, 1 min at 56 °C, and 1 min at 72°C. Selective amplifications were done using various combinations of *Eco*RI and *Mse*I primers, both of them with 3 selective nucleotides (E+3 and M+3, Table 2). A total reaction volume (10 μ L) per template-primer set was composed of 2 μ L of 1:100 pre-amplified template DNA, 2 μ L *Mse*I primer[®] containing dNTP (Life Technologies), 0.5 μ L of IRD[®] – labeled *Eco*RI primer (Li-Cor, Lincoln, NE, USA), 1.2 μ L of 10 X PCR buffer[®] plus MgCl₂ (Applied Biosystems), and 0.06 μ L of *Ampli*Taq[®] DNA Polymerase (Applied Biosystems). PCR amplifications consisted of 1 cycle of 30 sec at 94 °C, 30 sec at 65 °C, and 1 min at 72 °C; 12 cycles in which all denaturing and extension temperatures remained the same, whereas the annealing temperature was decreased by 0.7 °C in each cycle; followed by 23 cycles of 30 sec at 94 °C, 30 sec at 56 °C, and 1 min at 72°C.

Detection and scoring of AFLP fragments

After selective amplification, reactions were stopped by 5 μ L of gel loading buffer (consisting of 95% deionized formamide, 20 mM EDTA pH 8.0 and 1 mg/mL bromophenol blue). This mixture was heated at 94 °C for 3 min, then quickly cooled on ice prior to gel loading. AFLP products were resolved on denaturing gels containing 6.5 % polyacrylamide (Li-Cor), 7.5 M urea, and 1 X TBE (89 mM TRIS, 89 mM boric acid, and 2 mM EDTA). A volume of 1.0 μ L of both sample and IRD[®]-labeled size standards (outside wells) (Li-Cor) were loaded to individual wells of this gel. Electrophoresis was conducted on a Li-Cor 4200 automated sequencer using 1 X TBE running buffer, with run parameters

of 1500 V, 40 mA, 40 W, scan speed 4, 50 °C plate temperature, and 16 bit pixel depth for collection of TIFF image files.

Polymorphic fragments were scored using RFLPscan Version 3.54 (Scanalytics). Automatic detection thresholds were set at the maximum level to minimize the number of automatically scored fragments, and polymorphic fragments were scored electronically by the user. The software automatically assigns molecular weights to fragments and generates reports of fragment presence/absence strings for each sample. As proposed by Vos et al. (1995), each set of at least 10 scored loci was defined as an AFLP fingerprint.

Data analysis

Genetic similarities among AFLP fingerprints from each population were estimated according to the formula of Dice (1945), first applied to molecular data by Nei & Li (1979) [$GS_{(ij)} = 2a/(2a + b + c)$], where $GS_{(ij)}$ is the genetic similarity between individuals i and j ; a is the number of polymorphic bands that are shared by i and j ; b is the number of bands present in i and absent in j ; and c is the opposite of b . Genetic relationships among AFLP fingerprints were represented in a dendrogram based on the unweighted pair group method of arithmetic averages (UPGMA) with bootstrapping (500 replicates) and a principal coordinate analysis bidimensional scatter plot, respectively done by Treecon for Windows software package version 1.3b (Van de Peer and De Wachter, 1994) and NTSYS-PC version 2.02k (Rohlf, 1997).

Results

Using AFLP markers, the populations samples showed different banding patterns. The multilocus approach, using the combination of AFLP loci, was used due to the strong population bias in the frequencies at many amplified loci (data not shown).

Seven primer combinations were used for the analysis of populations of *T. absoluta*. Considering these combinations, fifteen amplified loci were selected for which the most common allele in each population occurred at a frequency of greater than or equal to 75%, as suggested by McMichael and Prowell (1999) (Table 3).

Twenty-eight different multilocus AFLP fingerprints were identified in the 32 *T. absoluta* sampled (Table 4). Two different groups of fingerprint numbers were observed: three band patterns (fingerprints) on larvae from Goianópolis (GO_{1 to 3}), Camocim de São Félix (PE_{1 to 3}), São João da Barra (SJ_{1 to 3}), and Viçosa (VC_{1 to 3}); and four from Paulínea (PA_{1 to 4}), Santa Tereza (ST_{1 to 4}), Sumaré (SU_{1 to 4}), and Uberlândia (UB_{1 to 4}).

The dendrogram, based on unweighed pair-group method (Fig. 1), separated the AFLP fingerprints in two distinct groups. The first (group A) was composed by multilocus data of larvae from Camocim de São Félix, Paulínea, São João da Barra, Sumaré, and Uberlândia. The second group was formed by fingerprints from Goianópolis, Santa Tereza, and Viçosa. Although bootstrap values showed limited support for some nodes, the same type of cluster was observed (Fig. 2).

The accumulated variance of the first three eigenvalues, generated by the principal coordinate analysis was greater than 60%. As suggested by Sparks et al. (1999), when the accumulated variance of the first three eigenvalues is greater than 60%, it is reasonable to study the characteristics (in this case population divergence) in a bidimensional space rather than in the n-dimensional space. In this study, the first and the third coordinate axes were plotted in order to show the best dispersion of these fingerprints. The same trend displayed on the UPGMA dendrogram (Fig. 1) was observed in the plot of the two principal coordinate axes (Fig. 2), that is, the division of twenty-eight AFLP fingerprints into two groups described.

Discussion

Initially, it was possible to observe that the hypothesis of insect dispersion to closed cities in Brazil, such as São João da Barra (SJ) and Viçosa (VC), was not valid to this insect. The population divergence found in this study might be explained by the effect of different usage of doses and types of insecticides as well as in differences of tomato leafminer alternative hosts theoretically found in each place of collection.

The results of this work partially corroborated previous information (Siqueira et al., 2000a and Picanço et al., 2002) on the insecticide resistance among *T. absoluta* populations. The separation of 28 AFLP fingerprints of this

insect in two distinct groups was supported not only by UPGMA bootstrap analysis but also by principal coordinate analysis. According to Siqueira et al. (2000a), tomato leaf miner larvae from Paulínea, São João da Barra, and Uberlândia (presented here in group A; Fig.1) were more susceptible to abamectin than populations from Viçosa, Lavras, and Araguari. A similar observation was made by Picanço et al. (2002), where populations of *T. absoluta* from Goianópolis, Santa Tereza, and Viçosa (located in group B; Fig.1) showed intermediate average resistance index. All of these studies indicate differences in the resistance levels among different populations for each considered insecticide. Such variability suggests differential selection pressures, genetic diversity in the resistance mechanisms among the insect populations, or both (Kerns and Gaylor, 1992). This fact could explain the formation of different groups (A and B) of *T. absoluta* populations used in the present study.

The differential selection pressures could be done by using different compounds, over-recommended insecticide dosages, as well as frequency of application. Even though the insecticide recommendation for Brazil is a national policy (Andrei, 1999), there is a variation in the acceptance or usage of a particular product in a specific region (Guedes et al., 1995). For example in the region of Goianópolis, despite the low efficiency in controlling *T. absoluta*, farmers continuously spray methamidophos against this pest (Cardoso, C.F., personal communication). As a result of this practice, failure in control is detected and an increase of the insecticide dosage or a raise in the frequency of applications is often observed (Picanço et al., 1995). In this case, the agricultural practices are promoting the selection of resistant individuals of *T. absoluta* to insecticides, but with different characteristics depending on the origin of the insects, and in part explaining the results found in this work.

Beside the effects of the insecticides on *T. absoluta* strains, alternative hosts could generate polymorphisms between/within population(s) (Jaenike, 1990). As an example of this fact, populations of *Rhagoletis pomonella* prefer to lay eggs on apple more than in hawthorn populations of this insect, but both populations prefer hawthorn trees(ancestral host) (Prokopy et al, 1988). Furthermore, genetic based differences in host acceptance have been found between US mainland and Virgin Island populations of *Halitosis viruses* (Lepidoptera: Noctuidae) (Schneider & Roush, 1986; Waldvogel & Gould,

1990). Additionally, Moreira et al. (2001) working with populations of *T. absoluta* from Camocim de São Félix, Santa Tereza, Uberlândia, and Viçosa observed differences on biological characteristics of this insect when fed by several wild tomato species. The authors also proposed the division of these populations in two groups: Santa Tereza and Uberlândia (presented in this study in the group B and A, respectively) in order to obtain a core collection of this insect. All of these results could support the results found in this work.

Another fact that might explain these results are the local differences in the tomato leafminer alternative host plants. Polvolny (1975) observed that tomato leafminer larvae could also attack Solanaceae plants. The differences between the groups A and B, would be based on the diversity of secondary compounds presented in Solanaceae plants. Solanin, α -tomatine, and caryphylene are examples of such compounds. Moreover the indirect effect of the weather in the diversity of Solanaceae plants found in each particular site of sampling, might affect the tomato leafminer population.

In conclusion, the results presented here show the usefulness of the AFLP technique in the study of geographical variation of *T. absoluta* populations. These results would explain or might detect the differences in the populations responses to insecticides, as well as host plants. The data may also be used in the breeding programs for tomato resistance to *T. absoluta*, supporting the use of one representative population, depending on the site of plant selection.

Table 1 Origin of the populations of *Tuta absoluta* used in this study

Code	City	State	Place	Insecticide Resistance Status ¹
GO	Goianópolis	Goiás	Laboratory	2
PA	Paulínea	São Paulo	Laboratory	3
PE	Camocim de São Félix	Pernambuco	Laboratory	2
SJ	São João da Barra	Rio de Janeiro	Laboratory	3
ST	Santa Tereza	Espírito Santo	Laboratory	2
SU	Sumaré	São Paulo	Laboratory	n/a
UB	Uberlândia	Minas Gerais	Laboratory	2
VC	Viçosa	Minas Gerais	Laboratory	4

¹ 2: Resistant to at least 2 insecticides; 3: Resistant to at least 3 insecticides; 4: Resistant to at least 4 insecticides; n/a: data non available.

Table 2. Adapter and primer sequences used for AFLP analysis in different populations of *Tuta absoluta*.

Primer name	Primer type	Sequences (5' – 3')
Eco RI – A1	Adapter	CTCGTAGACTGCGTACC
Eco RI – A2	Adapter	AATTGGTACGCAGTCTAC
E0	+0	GACTGCGTACCAATTC
EACA	+3	GACTGCGTACCAATTCACA
EACG	+3	GACTGCGTACCAATTCACG
EACT	+3	GACTGCGTACCAATTCACT
MseI – A1	Adapter	GACGATGAGTCCTGAG
MseI – A2	Adapter	TACTCAGGACTCAT
MC	+1	GATGAGTCCTGAGTAAC
MCAC	+3	GATGAGTCCTGAGTAACAC
MCAG	+3	GATGAGTCCTGAGTAACAG
MCAT	+3	GATGAGTCCTGAGTAACAT
MCTG	+3	GATGAGTCCTGAGTAACTG
MCTT	+3	GATGAGTCCTGAGTAACTT

Table 3. Fifteen AFLP loci selected for *Tuta absoluta* populations identification

Primer pair combinations (bp)	Frequency of most common allele (1 or 0)*							
	GO	PA	PE	SJ	ST	SU	UB	VC
1. MCAC-EACT (73)	1 (1)	1 (1)	1 (1)	1 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (1)	1 (1)
2. MCTT-EACT (135)	1 (0)	0.75 (1)	0.75 (1)	1 (0)	0.75 (1)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
3. MCAT-EACA (174)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (1)	1 (0)	0.75 (0)	0.75 (1)	0.75 (1)
4. MCTG-EACA (189)	1 (0)	0.75 (1)	0.75 (1)	0.75 (1)	0.75 (1)	0.75 (1)	0.75 (1)	1 (0)
5. MCTG-EACA (206)	1 (0)	1 (1)	0.75 (0)	0.75 (1)	0.75 (0)	1 (1)	1 (1)	1 (1)
6. MCTT-EACT (209)	1 (0)	1 (0)	1 (1)	0.75 (1)	1 (1)	0.75 (1)	0.75 (1)	1 (1)
7. MCTT-EAGG (213)	1 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	0.75 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (1)
8. MCAC-EAGG (219)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (1)	0.75 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (0)
9. MCTG-EACA (242)	1 (0)	0.75 (1)	1 (1)	0.75 (0)	1 (1)	1 (1)	1 (1)	0.75 (0)
10. MCAC-EACT (266)	1 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (1)	0.75 (0)	1 (0)	1 (1)
11. MCTT-EAGG (300)	0.75 (1)	1 (1)	1 (1)	1 (0)	1 (0)	0.75 (1)	1 (1)	0.75 (1)
12. MCTT-EACT (304)	1 (0)	1 (1)	0.75 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (0)
13. MCAT-EAGG (339)	0.75 (0)	0.75 (0)	0.75 (1)	0.75 (1)	1 (0)	0.75 (0)	1 (1)	1 (0)
14. MCAC-EACT (391)	1 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (1)
15. MCAT-EACA (426)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (1)	1 (0)	1 (0)	1 (0)	1 (0)

* Numbers outside brackets refer the frequency of occurrence of the allele and values inside brackets show the status of the character: absent (0) or present (1)

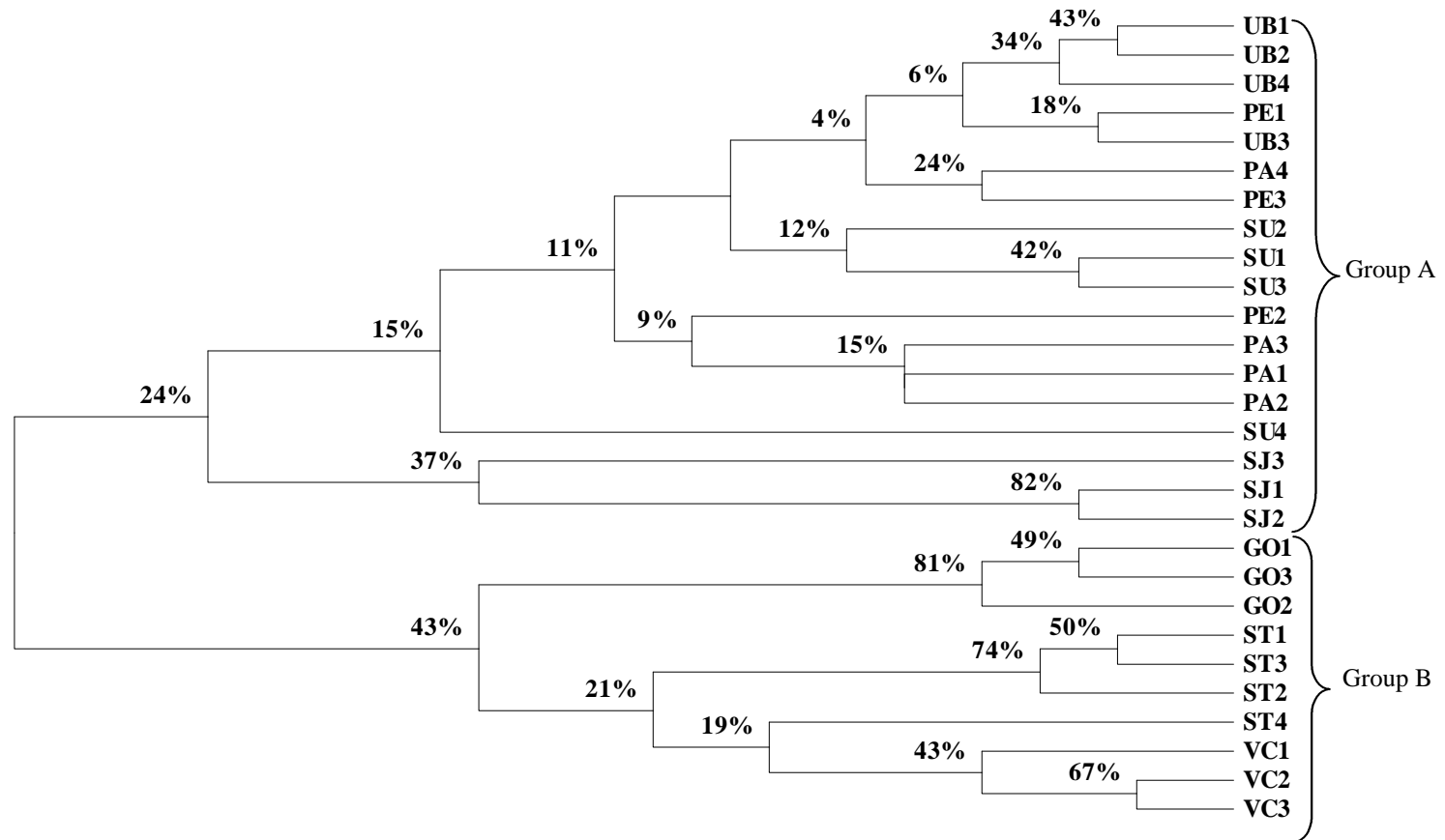


Fig. 1. Dendrogram of 8 populations of *Tuta absoluta* AFLP fingerprints resulting from UPGMA with cluster analysis. Bootstrap support (percent of 500 replicates) is indicated for each branch.

Table 4. Presence (1) or absence (0) of fragments in *Tuta absoluta* AFLP fingerprints

Fingerprint	AFLP Loci														
	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
GO1	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	1	1	1
GO2	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0	1	1
GO3	1	0	0	0	0	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1
PA1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0
PA2	1	1	0	0	1	0	0	0	1	0	1	1	0	0	0
PA3	1	1	0	1	1	0	0	0	0	0	1	1	0	0	0
PA4	1	1	0	1	1	0	0	0	1	0	1	1	1	0	0
PE1	1	0	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0
PE2	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	1	1	0	0	0
PE3	1	1	0	1	0	1	0	0	1	0	1	1	1	0	0
SJ1	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	0	0	0
SJ2	1	0	1	1	1	1	0	1	0	0	0	0	1	0	0
SJ3	1	0	1	0	0	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0
ST1	0	1	0	1	0	1	1	1	1	1	0	0	0	1	1
ST2	0	0	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1
ST3	0	1	0	1	0	1	1	0	1	1	0	0	0	1	1
ST4	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	0	0	0	1	1
SU1	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	0	0	0
SU2	0	1	0	0	1	1	0	0	1	1	1	0	0	0	0
SU3	0	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0
SU4	0	1	1	1	1	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0
UB1	1	1	1	1	1	0	0	0	1	0	1	0	1	0	0
UB2	1	1	1	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0
UB3	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0
UB4	1	1	1	0	1	1	0	0	1	0	1	0	1	0	0
VC1	1	1	0	0	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1
VC2	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	1	0	0	1	1
VC3	1	1	1	0	1	1	1	0	0	1	0	0	0	1	1

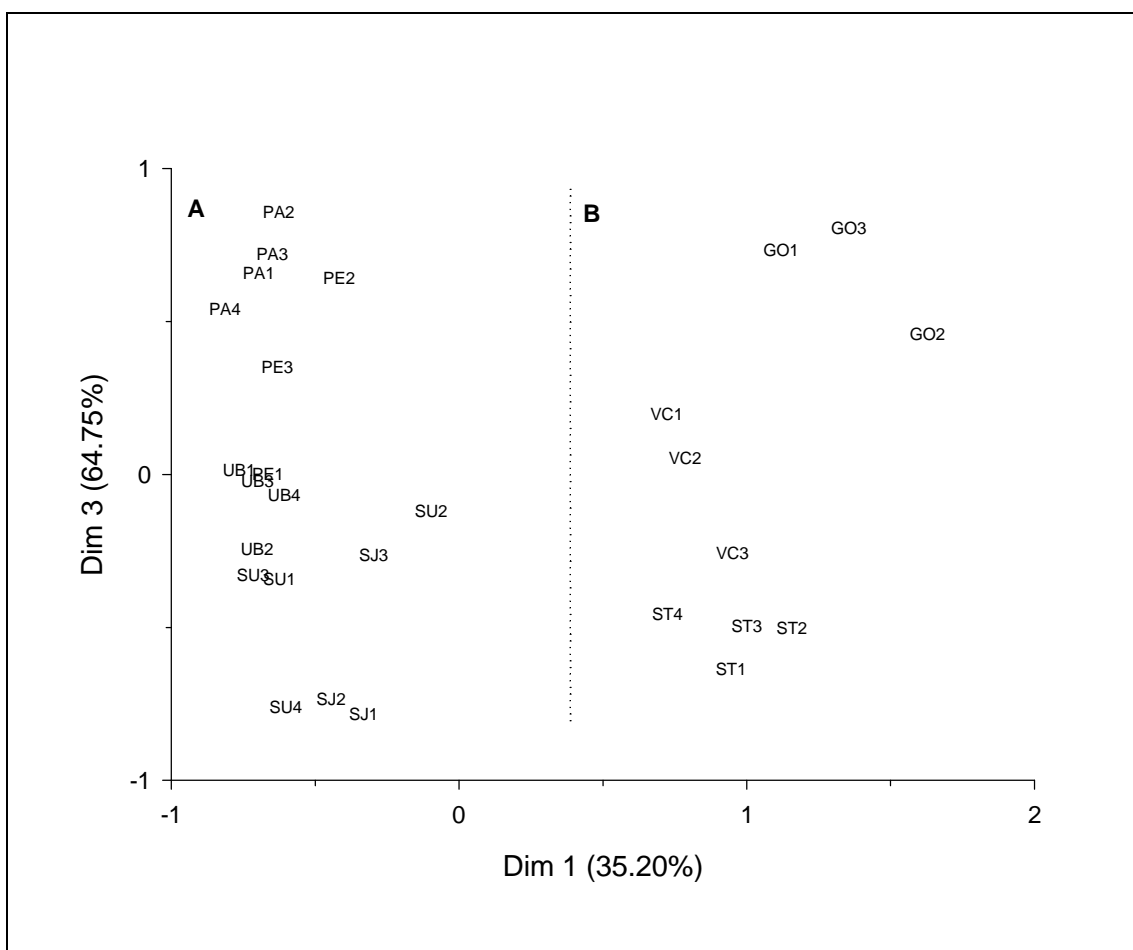


Fig. 2. Scatter plot of principal coordinate analysis of 29 *Tuta absoluta* AFLP fingerprints. Numbers in the parenthesis indicate cumulative percentages of the eigenvalues.

References

- Andrei, E.** (1999) *Compêndio de Defensivos Agrícolas*. São Paulo, Andrei Editora, 672p.
- Carballo, R., Basso, C., Scatoni, I. & Comotto, F.** (1981) Ensayo para el control de *Scrobipalpula absoluta* (Meyrick) temporada 1980-81. *Revista Técnica* **1**, 41-46.
- Cervera, M.T., Cabezas, J.A., Simón, B., Martínez-Zapater, J.M., Beitia, F. & Cenis, J.L.** (2000) Genetic relationships among biotypes of *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae) based on AFLP analysis. *Bulletin of Entomological Research* **90**, 301-306.
- Ebora, R.V., Ebora, M.M. & Sticklen, M.B.** (1994) Transgenic potato expressing the *Bacillus thuringiensis* CryIA(c) gene effects on the survival and food consumption of *Phthorimea operculella* (Lepidoptera: Gelechiidae) and *Ostrinia nubilalis* (Lepidoptera: Noctuidae). *Journal of Economic Entomology* **87**, 1122-1127.
- Dice, L.R.** (1945) Measures of the amount of ecological association between species. *Ecology* **26**, 297-302.
- Guedes, R.N.C., Picanço, M.C., Matioli, A.L. & Rocha, D.M.** (1994) Efeito de inseticidas e sistemas de condução do tomateiro no controle de *Scrobipalpuloides absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae). *Anais da Sociedade Entomológica do Brasil* **23**, 321-325.
- Guedes, R.N.C., Picanço, M.C., Guedes, N.M.P. & Madeira, N.R.** (1995) Sinergismo do óleo mineral sobre a toxicidade de inseticidas para *Scrobipalpuloides absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). *Pesquisa Agropecuária Brasileira* **30**, 313-318.
- Jaenike, J.** (1990) Host specialization in phytophagous insects. *Annual Review of Ecology and Systematics* **21**, 243-273.
- Kerns, D.L. & Gaylor, M.J.** (1992) Insecticide resistance in field populations of the cotton aphid (Homoptera: Aphididae). *Journal of Economic Entomology* **85**, 1-8.

- McMitchel, M. & Prowell, D.P.** (1999) Differences in amplified fragment-length polymorphisms in fall armyworm (Lepidoptera: Noctuidae) host strains. *Annals of the Entomological Society of America* **92**, 175-181.
- Moreira, G.R., Silva D.J.H., Picanço, M.C., Peternelli, L.A. & Casali, V.W.D.** (2001) Diversidade genética de *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) em *Lycopersicon* spp. *Horticultura Brasileira* **19**, 201-205.
- Nei, M. & Li, W.H.** (1979) Mathematical model for studying genetic variations in terms of restriction endonucleases. *Proceedings of the National Academy of Sciences USA* **76**, 5269-5273.
- Parsons, Y.M. & Shaw, K.L.** (2001) Species boundaries and genetic diversity among Hawaiian crickets of the genus *Laupala* identified using amplified fragment length polymorphism. *Molecular Ecology* **10**, 1765-1772.
- Picanço, M.C., Guedes, R.N.C., Leite, G.L.D., Fontes, P.C.R. & Silva, E.A.** (1995) Incidência de *Scrobipalpuloides absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) em tomateiro sob diferentes sistemas de tutoramento e controle químico de pragas. *Horticultura Brasileira* **13**, 180-183.
- Picanço, M., Faleiro, F.G., Pallini Filho, A. & Matioli, A.L.** (1997) Perdas na produtividade do tomateiro em sistemas alternativos de controle fitossanitário. *Horticultura Brasileira* **15**, 88-91.
- Picanço, M., Leite, G.L.D., Guedes, R.N.C. & Silva, E.A.** (1998). Yield loss in trellised tomato affected by insecticidal sprays and planting spacing. *Crop Protection* **17**, 447-452.
- Picanço, M.C., Pedroni, D. & Pereira, E.J.G.** (2002) Suscetibilidade de populações de *Tuta absoluta* (Meyrick) (Lepidoptera: Gelechiidae) a inseticidas.(in press)
- Polvony D.** (1975) On three neotropical species of Gnorimoschemini (Lepidoptera: Gelechiidae) mining Solanaceae. *Acta University Agriculturae* **23**, 379-393.
- Prokopy, R.J., Diehl, S.R. & Coley, S.S.** (1988) Behavioral evidence for host races in *Rhagoletis pomonella* flies. *Oecologia* **76**, 138-147.
- Ravel, S., Monteny, N., Olmos, D.V., Verdugo, J.E. & Cuny, G.** (2001) A preliminary study of the population genetics of *Aedes aegypti* (Diptera: Culicidae) from Mexico using microsatellite and AFLP markers. *Acta Tropica* **78**, 241-250.

- Reineke, A., Karlovsky, P. & Zebitz, C.P.W.** (1998) Preparation and purification of DNA from insects for AFLP analysis. *Insect Molecular Biology* **7**, 95-99.
- Reineke, A., Karlovsky, P. & Zebitz, C.P.W.** (1999) Amplified fragment length polymorphism analysis of different geographic populations of gypsy moth, *Lymantria dispar* (Lepidoptera: Lymantriidae). *Bulletin of Entomological Research* **89**, 79-88.
- Rohlf, F.J.** (1997) NTSYS-PC: numerical taxonomy and multivariate analysis system. Version 2.0, Setauket, New York, Exeter Software.
- Salazar, E.S. & Araya, J.E.** (1997) Detección de resistencia a insecticidas en la polilla del tomate. *Simiente* **67**, 8-22.
- Schneider, J.C. & Roush, R.T.** (1986) Genetic differences in oviposition preference between two populations of *Heliothis virescens*. pp. 163-171. In Huettel, D. (Ed.) *Evolutionary Genetics of Invertebrate Behavior*. New York, Plenum.
- Schuster, D.J., Brewer, M.J., Alvarado-Rodriguez, B., Sorensen, K.A. & Trumble, J.T.** (1996) Estimating resistance to methomyl in the tomato pinworm (Lepidoptera: Gelechiidae) using a pheromone trap bioassay. *Crop Protection* **15**, 283-287.
- Shipp, J.L., Wang, K. & Ferguson, G.** (1998) Evaluation of commercially produced *Trichogramma* spp. (Hymenoptera: Trichogrammatidae) for control of tomato pinworm *Keiferia lycopersicella* (Lepidoptera: Gelechiidae) on greenhouse tomatoes. *Canadian Entomologist* **130**, 721-731.
- Siqueira, H.A.A., Guedes, R.N.C. & Picanço, M.C.** (2000a). Insecticide resistance in populations of *Tuta absoluta* (Lepidoptera: Gelechiidae). *Agricultural and Forest Entomology* **2**, 147-153.
- Siqueira, H.A.A., Guedes, R.N.C. & Picanço, M.C.** (2000b). Cartap resistance and synergism in populations of *Tuta absoluta* (Lep., Gelechiidae). *Journal of Applied Entomology* **124**, 233-238.
- Souza, J.C., Reis, P.R. & Salgado, L.O.** (1992) *Traça do tomateiro: histórico, reconhecimento, biologia prejuízos e controle*. EPAMIG, Belo Horizonte, MG, Brazil.

- Sparks, T. H., Scott, W. A. & Clarke, R. T.** (1999) Traditional multivariate techniques: potential for use in ecotoxicology. *Environmental Toxicology and Chemistry* **18**, 128-137.
- Van de Peer, Y. & De Wachter, R.** (1994) TREECON for Windows: a software package for the construction and drawing of evolutionary trees for the Microsoft Windows environment. *Computer Applications in the Biosciences* **10**, 569-570.
- Vos, P., Hogers, R., Bleeker, M., Reijans, M., van de Lee, T., Hornes, M., Frijters, A., Pot, J., Peleman, J., Kuiper, M. & Zabeau, M.** (1995) AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* **23**, 4407-4414.
- Waldvogel, M. & Gould, F.** (1990) Variation in oviposition preference between strains of *Heliothis virescens*. *Evolution* **44**. 1326-1337.

3. CONCLUSÕES GERAIS

Considerando o Artigo I desta dissertação, referente a divergência genética entre genótipos de *Lycopersicon* spp., têm-se:

- a) Os genótipos mais similares, com base na distância generalizada de Mahalanobis (D^2), foram Ângela e IPA-5, enquanto que Ângela e PI 126445 foram os mais divergentes;
- b) Observou-se a partição dos genótipos utilizados em três grupos (I: Ângela, IPA-5, e TX 401-08; II: Santa Clara, e III: LA 716, LA 1777, LA 2329, PI 126445, PI 127826, e PI 134417), pelas metodologias de Tocher e variáveis canônicas;
- c) Nenhuma característica de resistência foi eliminada deste estudo devido a mudanças no agrupamento original.

Quanto a análise combinatória (Artigo II), pode-se concluir que:

- a) Houve predominância dos efeitos gênicos aditivos na maior parte dos caracteres avaliados;
- b) Em função das estimativas da capacidade geral de combinação os genótipos Ângela, Santa Clara, LA 716, e LA 1777 são os genitores mais indicados em programas de melhoramento do tomateiro que visem aumentar a resistência a *Tuta absoluta*;
- c) Os híbridos Ângela x LA 716, Ângela x LA 2329, Santa Clara x PI 126445, Santa Clara x PI 127826 e TX 401-08 x LA 1777 têm alto potencial de gerar híbridos superiores.

Quanto a divergência genética de populações de *Tuta absoluta* (Artigo III), conclui-se que:

- a) Existe variabilidade genética entre populações de *T. absoluta* de diferentes localidades do Brasil;
- b) Estas populações foram divididas em dois grupos (A: Camocim do São Félix, Paulínea, São João da Barra, Sumaré, e Uberlândia; B: Goianópolis, Santa Tereza, e Viçosa), por intermédio das análises de coordenadas principais e UPGMA;
- c) Houve concordância destes agrupamentos com informações anteriores de resistência de populações de *T. absoluta* a inseticidas.