

MARIANE GONÇALVES FERREIRA COPATI

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE TOMATEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA À
REQUEIMA E QUALIDADE DE FRUTO**

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

Orientador: Carlos Nick Gomes

Coorientador: Pedro de Souza C. Carneiro

**VIÇOSA - MINAS GERAIS
2021**

**Ficha catalográfica elaborada pela Biblioteca Central da Universidade
Federal de Viçosa - Campus Viçosa**

T

Copati, Mariane Gonçalves Ferreira, 1991-
C781s Seleção de famílias de tomateiro quanto a resistência à
2021 requeima e qualidade de fruto / Mariane Gonçalves Ferreira
Copati. – Viçosa, MG, 2021.
84 f. : il. (algumas color.) ; 29 cm.

Orientador: Carlos Nick Gomes.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Inclui bibliografia.

1. *Solanum lycopersicum*. 2. *Phytophthora infestans*.
3. Tomate - Seleção. 4. Tomate - Resistência a doenças e pragas.
I. Universidade Federal de Viçosa. Departamento de Agronomia.
Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia. II. Título.

CDD 22. ed. 635.64294

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS DE TOMATEIRO QUANTO A RESISTÊNCIA À
REQUEIMA E QUALIDADE DE FRUTO**

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

APROVADA: 16 de abril de 2021.

Assentimento:



Mariane Gonçalves Ferreira Copati
Autora



Carlos Nick Gomes
Orientador

À minha família.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Em primeiro lugar a Deus, pelo dom da vida e por sempre me conceder força e sabedoria em todos os momentos da minha vida e à Nossa Senhora por ser minha intercessora.

Aos meus pais, Vicente e Marilda, por serem minha base e referência de vida, por todo amor incondicional e carinho que sempre me concederam e por estarem ao meu lado me incentivando e ajudando na realização dos meus sonhos.

Ao meu marido Geovani, pelo companheirismo, auxílio, carinho e amor em todos os momentos e, também, aos sogros (Adair e Valter), cunhados e sobrinho (Marcela, Luciano e Arthur), pelo apoio.

À minha irmã Eliane, ao meu cunhado Eliquelson e às minhas sobrinhas Ana Luísa e Helena, por todo caminho, apoio, conselho e suporte.

À toda minha família, que mesmo à distancia sempre me impulsionaram e apoiaram, em especial minha tia Divina, que sempre me ajudou e incentivou.

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Fitotecnia pela oportunidade de realizar o doutorado.

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

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), pela concessão da bolsa de estudos.

Ao professor Carlos Nick, pela orientação, amizade, confiança e por sempre acreditar no meu potencial.

Aos demais professores da UFV, por todos os ensinamentos transmitidos durante o curso. Em especial, ao meu coorientador Professor Pedro Crescêncio Souza Carneiro, e aos professores Felipe Lopes da Silva, Carlos Eduardo Magalhães dos Santos, Alcinei Místico Azevedo, que contribuíram muito para minha formação profissional.

Aos funcionários e integrantes da Horta Velha e do laboratório de manejo de recursos genéticos da UFV, em especial ao Wilson e ao Jamilton pela amizade e ajuda nos experimentos.

Aos meus amigos de Viçosa e do Grupo de Pesquisa e Estudo em produção e melhoramento de Hortaliças (GPEMHort), por toda amizade, companheirismo e ajuda, em especial à Flávia, Francielle, Herika, Françoise, Ciene, Felipe, Gabriella, Jamilton,

Maria Eduarda, Lívia, Manoel Nelson, Igor, Brenda, Manoel Coelho, João Paulo, João Victor, Tereza, Mirelle, Júlia e Filipi.

Aos meus amigos do Núcleo de Estudo e Pesquisa em Fitotecnia (NEPFit – UFV), por comigo terem embarcado na missão de criar e estruturar um grupo de estudo dos estudantes da Pós-Graduação em Fitotecnia; por todos os momentos vividos; e por todas as experiências vivenciadas.

Aos meus amigos do Coral da Família e agregados da paróquia Nossa Senhora do Rosário de Fátima de Viçosa, em especial, Maria Aparecida, Laércio (Sabonete), Luana, Maria Vitória, Renata Juninho e dona Ricardina, por terem sido minha segunda família e por ter feito meus dias mais leves e o caminho mais agradável de trilhar.

A todos os demais, que de alguma forma, contribuíram com a minha conquista.

O presente trabalho foi realizado com apoio da Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES) – Código de Financiamento 001.

BIOGRAFIA

Mariane Gonçalves Ferreira Copati, filha de Vicente Gonçalves Ferreira e Marilda Aparecida Martins Ferreira, nasceu no dia 08 de janeiro de 1991, na cidade de Ceres, Estado de Goiás, Brasil.

Em julho de 2009, formou-se Técnica em Agricultura pelo Instituto Federal de Educação, Ciência e Tecnologia Goiano *Campus* Ceres, em Ceres, Goiás.

Em março de 2010, ingressou no curso de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), em Viçosa, Minas Gerais, graduando-se Engenheira Agrônoma em julho de 2015.

Em agosto de 2015, ingressou no Programa de Pós-Graduação, em nível de Mestrado, em Fitotecnia da UFV, submetendo-se a defesa da dissertação em fevereiro de 2017.

Em março de 2017, ingressou no Programa de Pós-Graduação, em nível de Doutorado, em Fitotecnia da UFV, submetendo-se a defesa da tese em abril de 2021.

RESUMO

COPATI, Mariane Gonçalves Ferreira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, abril de 2021. **Seleção de famílias de tomateiro quanto a resistência à requeima e qualidade de fruto.** Orientador: Carlos Nick Gomes. Coorientador: Pedro de Souza Crescêncio Carneiro.

O tomateiro é uma cultura reconhecida mundialmente devido sua importância socioeconômica e nutricional. No entanto, seu cultivo é de elevado risco econômico devido aos prejuízos acarretados por infecções de diferentes fitopatógenos durante o ciclo de cultivo. Entre as principais doenças causadas por estes patógenos, a requeima, é uma das mais perniciosas. Para contornar essa situação, os programas de melhoramento trabalham com o objetivo de selecionar genótipos resistentes, e, que apresentem características agronômicas desejáveis pelos consumidores, produtores e indústria sementeira. As avaliações iniciais das populações segregantes são extremamente trabalhosas devido ao grande número de famílias que são avaliadas. Nesse contexto, o delineamento em blocos com testemunhas intercalares aliado a análise espacial é alternativa viável para realizar a condução e seleção para resistência à requeima sem comprometer a precisão experimental. Ademais, na busca por genótipos com fenótipos desejáveis para múltiplas características, a utilização de índices de seleção tem se mostrado uma estratégia vantajosa. O índice de seleção FAI-BLUB vem sendo utilizado em diferentes culturas com sucesso para diversos fins, o qual apresenta características superiores aos demais índices comumente utilizados. Assim, o objetivo deste trabalho é selecionar famílias de tomateiro resistentes a requeima conduzidas no delineamento em blocos com testemunhas intercalares utilizando a metodologia da análise espacial e posteriormente selecionar, entre as resistentes, as que apresentam as melhores características relacionadas a qualidade de fruto utilizando o índice FAI-BLUB. Foram conduzidos dois experimentos, no primeiro avaliou-se 200 famílias $F_{3:4}$ de tomateiro no delineamento em blocos com testemunhas intercalares para resistência a requeima. O segundo experimento foi conduzido com famílias resistentes a requeima selecionadas no primeiro experimento. Oitenta famílias foram selecionadas por apresentarem resistência a requeima em avaliações no campo no primeiro experimento. A utilização da análise espacial reduziu o erro e aumentou a precisão experimental. O modelo $y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi$ (8) foi o melhor para seleção das famílias de tomateiro resistentes à requeima. A utilização

da análise espacial para seleção de famílias de tomateiro resistentes a requeima é recomendada a fim de se obter maior eficiência e ganho na seleção. O índice FAI-BLUP foi eficiente para seleção dos genótipos de tomateiro resistentes a requeima para qualidade de frutos. Quatorze famílias se aproximaram do ideótipo desejável para qualidade de fruto. Esses genótipos devem seguir para as etapas subsequentes do programa de melhoramento da cultura.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*. *Phytophthora infestans*. Análise espacial. FAI-BLUP. Ganho de seleção.

ABSTRACT

COPATI, Mariane Gonçalves Ferreira, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, April, 2021. **Selection of tomato families for combined fruit quality and late-blight resistance**. Adviser: Carlos Nick Gomes. Co-adviser: Pedro de Souza Crescêncio Carneiro.

The tomato crop is recognized for its socioeconomic and nutritional importance worldwide. However, growing tomatoes is economically risky due to the high number of different pathogens threatening plant growth and production during the whole crop cycle. Among the diseases caused by such pathogens, late-blight stands out as one of the most problematic. In order to overcome this disease, breeding programs rely on the selection of tomato-resistant genotypes with favorable agronomic features for all consumers, growers, and seed industry. Initial breeding trials are extremely laborious due to the large number of tomato families that need to be tested. In a scenario like this, replicated check designs together with spatial analyses become a viable approach to select late-blight-resistant tomato families without compromising experimental precision. Moreover, selection indexes have shown to be a valuable strategy used to screen for materials with multiple desirable traits simultaneously. The FAI-BLUP selection index has been successfully used in many crops and for different purposes as it shows superiority over the other indexes commonly utilized. Therefore, this work aimed at using the spatial analysis methodology to determine the best model to select tomato families resistant to late-blight, in an experiment carried out using a replicated check design, and after that, select, within the most resistant families, the ones displaying best fruit quality attributes using the FAI-BLUP selection index. We carried out two independent field trials. In the first trial, we assessed 200 $F_{3:4}$ tomato families for their resistance to *P. infestans*, arranged according to a replicated check design. In the second trial we assessed 80 tomato families, selected as *P. infestans*-resistant in the first trial, for their fruit quality attributes. Spatial analysis decreased error and increased experimental precision. $y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi$ (8) was considered the best fit model for selection of late blight-resistant tomato families. We therefore recommend the use of spatial modeling as it results in both higher efficiency and higher gains from selection compared to non-spatial modeling approaches. The FAI-BLUP index was efficient in selecting tomato families with combined *P. infestans* resistance and superior fruit quality. Fourteen tomato families ranked closer to the desirable

ideotype for fruit quality. These genotypes should move on to the next stages of our tomato breeding program.

Keywords: *Solanum lycopersicum*. *Phytophthora infestans*. Spatial analysis. FAI-BLUP index. Gain from selection.

LISTA DE FIGURAS

CAPÍTULO 2

Figure 1: Croqui utilizado para alocação das parcelas das famílias de tomateiro no campo.41

Figure 2: Variação de temperatura e umidade ao longo da avaliação das famílias de tomateiro quanto a resistência a *P. infestans*. Colunas: T °C máx = temperatura máxima; T °C mín = temperatura mínima. Linhas: UR% máx = umidade relativa máxima; UR% mín = umidade relativa mínima.43

Figure 3: Escala de classificação de severidade da doença, sugerida por Corrêa et al. (2009).44

Figure 4: Variograma de quatro modelos ajustados aos dados de AACPD no tomateiro, A- Modelo 2: $y = Xb + Zg + \xi$; B- Modelo 4: $y = Xb + Zg + Sc + \xi$; C- Modelo 5: $y = Xb + Zg + Sl + \xi$; D- Modelo 8: $y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi$53

CAPÍTULO 3

Figure 1: Mapa de calor mostrando as cargas fatoriais após a rotação varimax para os fatores. A= tonalidade entre verde e vermelho; C= cromaticidade; H= ângulo Hue; Larg= largura do fruto; SST= teor de sólidos solúveis (°Brix); AT= Acidez titulável; pH= acidez total; SST/AT= Relação SS/AT; Firm= firmeza do Fruto; L= luminosidade/brilho.73

Figure 2: Características avaliadas agrupadas em quatro fatores. A= tonalidade entre verde e vermelho; C= cromaticidade; H= ângulo Hue; Larg= largura do fruto; SST= teor de sólidos solúveis (°Brix); AT= Acidez titulável; pH= acidez total; SST/AT= Relação SS/AT; Firm= firmeza do Fruto; L= luminosidade/brilho.74

Figure 3: Classificação de genótipos e genótipos selecionados usando o índice FAI-BLUP.....	75
---	----

LISTA DE TABELAS

CAPÍTULO 2

Tabela 1: Modelos utilizados seguidos pelos critérios de escolha de modelos de Akaike (AIC) e Schwarz (BIC) e significância dos parâmetros dos modelos (LRT)... 50

Tabela 2: Estimativas dos parâmetros variância genotípica (σg^2), variância de spline na linha ($\sigma spl\ lin^2$), variância de spline na coluna ($\sigma spl\ col^2$), variância residual (σe^2), variância devida a tendência ($\sigma \xi^2$) variância dos resíduos não correlacionado ($\sigma \eta^2$), coeficientes de autocorrelação residual nas colunas (ρc) e linhas (ρl), variância fenotípica (σf^2), acurácia média (r_{gg}) e eficiência da análise espacial. 52

Tabela 3: Coeficientes de correlação de Spearman, eficiência de seleção (%) entre as médias estimadas no modelo oito e os demais métodos e ganho com a seleção (GS) considerando 10 e 20 % de indivíduos selecionados. 54

CAPÍTULO 3

Tabela 1: Valores máximos, mínimos, média e ideótipos desejável e indesejável para cada variável avaliada. 71

Tabela 2: Estimativas dos auto valores da análise de componentes principais e a proporção da variância explicada por cada um deles. 72

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	16
CAPÍTULO 1: REVISÃO DE LITERATURA	19
1. O TOMATEIRO	19
2. REQUEIMA NO TOMATEIRO.....	21
3. ESTRATÉGIA PARA CONDUÇÃO E AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA A REQUEIMA NO TOMATE	24
4. ANÁLISE ESTATÍSTICA ESPACIAL.....	25
5. SELEÇÃO PARA MÚLTIPLAS CARACTERÍSTICAS	28
6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	30
CAPÍTULO 2: MODELOS DE TENDÊNCIA ESPACIAIS COMO FERRAMENTA AUXILIAR PARA SELEÇÃO MAIS ACURADA DE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO RESISTENTES À <i>P. infestans</i>	38
RESUMO.....	38
1. INTRODUÇÃO	39
2. MATERIAL E MÉTODOS	40
2.1 Local e condução dos experimentos	40
2.2 Material vegetal	42
2.3 Preparação dos isolados e inoculação	42
2.4 Caracterização do ambiente experimental.....	42
2.5 Avaliação da severidade da requeima	43
2.6 Análise estatística.....	44
2.7 Escolha do modelo de melhor ajuste.....	46
2.8 Variograma	49
2.9 Software.....	49
3. RESULTADOS	49
4. DISCUSSÃO	54
5. CONCLUSÕES	59
3. REFERÊNCIAS.....	60
CAPÍTULO 3: SELEÇÃO PARA QUALIDADE DE FRUTOS EM FAMÍLIAS DE TOMATEIROS RESISTENTES A REQUEIMA	65

RESUMO.....	65
1. INTRODUÇÃO.....	66
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	67
2.1 Material Vegetal.....	67
2.2 Local e condução dos experimentos	68
2.3 Características avaliadas.....	68
2.4 Análises Estatísticas	69
2.5 Classificação das famílias.....	70
3. RESULTADOS	71
4. DISCUSSÃO	75
5. CONCLUSÕES	79
6. REFERÊNCIAS.....	80

1. INTRODUÇÃO

O tomateiro é uma solanácea reconhecida mundialmente devido sua importância socioeconômica e nutricional. O Brasil, no ano de 2019, foi o décimo maior produtor mundial, com uma produtividade média de 71,8 t ha⁻¹ (FAOSTAT, 2021). Seu fruto é rico em potássio, ácido fólico, vitamina C, vitamina E, flavonoides e carotenoides (beta caroteno e licopeno) (Waliszewski and Blasco, 2010; Palomo et al., 2010; Peixoto et al., 2017).

Considerada uma espécie versátil quanto ao uso, é entre as hortaliças-fruto aquela de maior demanda *per capita*. O agronegócio torna-se uma atividade atrativa, tendo em vista a demanda instalada, todavia, a tomaticultura é considerada atividade de alto risco econômico, sobretudo pelo elevado número de patógenos que ocasionam doenças na cultura. A suscetibilidade da espécie a uma gama de fitopatógenos aliada a cultivos realizados em condições ambientais favoráveis, tem resultado na ocorrência de doenças em todas as fases do seu ciclo fenológico, condição que impacta sobremaneira o custo de produção da. Estima-se que as perdas causadas por doenças representem de 10-30% do total da colheita (Tm et al., 2018), podendo, quando não manejadas, levar a perda total da lavoura.

Entre as doenças que acometem o tomateiro, a requeima causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, é a mais destrutível (Duarte et al., 2007; Kamoun et al., 2015). O plantio de cultivares suscetíveis sob condições ambientais favoráveis pode resultar em perdas de 100% das lavouras, principalmente, quando o controle químico não eficientemente realizado (Foolad et al., 2008; Reis, 2010). Desse forma, é necessário a contínua busca por novas estratégias de controle que sejam mais sustentáveis e duradoras que possam complementar as estratégias de manejo, como por exemplo, a resistência conferida por meio de genes de resistência (Park et al., 2005; Rodenburg et al., 2019).

A resistência a requeima normalmente é encontrada em espécies silvestres como, *Solanum pimpinellifolium*, *Solanum peruvianum*, *Solanum hirsutum* e *Solanum habrochaites*. Entretanto, cruzamentos com essas espécies, muitas vezes, não resultam em uma descendência com as características agrônomicas desejada. Portanto, a identificação de genes de resistência na mesma espécie é vantajosa, uma vez que a transferência de alelos favoráveis e a recuperação das características agrônomicas requeridas pelo mercado consumidor são facilitadas (Adalid et al., 2011).

No entanto, as avaliações da requeima, principalmente nas primeiras etapas dos programas de melhoramento, são extremamente trabalhosas (Costa et al., 2005), o que requer estratégias que viabilizem as avaliações sem comprometer a precisão experimental.

O delineamento em blocos com testemunhas intercalares aliado à metodologia de análise espacial é uma alternativa viável para a avaliação dos experimentos. Nesse delineamento experimental as análises são realizadas com base nas informações individuais e as estimativas das variações ambientais são baseadas nas testemunhas (Cruz et al., 2014). Nessa situação, a utilização da metodologia de análise espacial permite a realização de uma predição mais acurada dos valores genotípicos das famílias.

A análise espacial modela as dependências espaciais da área experimental na forma de matriz de variâncias e covariâncias residuais, considerando a distância entre parcelas na área experimental. Assim, as variações decorrentes da fertilidade do solo, umidade, interceptação de luz e outros fatores ambientais são minimizadas (Resende et al., 2014). Dessa forma, é possível obter resultados mais acurados, o que leva a maior eficiência na seleção.

Nos programas de melhoramento, para que ocorra o lançamento de um novo cultivar, é necessário selecionar genótipos superiores para diversas características. Dessa forma, nos últimos anos, diversos trabalhos foram realizados na tentativa de desenvolver cultivares de tomateiro que aliem a resistência a requeima com as características de qualidade organolépticas do fruto (Maach et al., 2020). Os atributos de qualidade de fruto são os principais influenciadores dos consumidores no momento da compra. Assim, apenas os que correspondem às expectativas do consumidor serão comercializados.

Quando se deseja selecionar genótipos para múltiplas características a utilização dos índices de seleção é uma estratégia vantajosa, uma vez que possibilita que a seleção seja realizada para mais de uma característica simultaneamente (Woyann et al., 2020). O índice de seleção FAI-BLUP (Factor analysis and ideotype-design / melhor predição linear imparcial), proposto por Rocha et al. (2018), tem sido utilizado com sucesso nos programas de melhoramento para diferentes culturas (Silva et al., 2018; Oliveira et al., 2019; Rocha et al., 2019; Woyann et al., 2019). Esse índice, permite o ordenamento dos genótipos com base em múltiplos caracteres; reduz os problemas ocasionados pela utilização de pesos e não apresenta problemas de

multicolinearidade, resultando em ganhos mais equilibrados para o conjunto de caracteres de interesse (Rocha et al., 2018).

Diante do exposto, objetivamos com este trabalho selecionar famílias de tomateiro resistentes a requeima conduzidas no delineamento em blocos com testemunhas intercalares utilizando a metodologia da análise espacial; determinar o modelo mais acurado para realizar a seleção e, posteriormente, entre as resistentes, selecionar aquelas com aderência aos atributos de qualidade de fruto por meio do índice FAI-BLUB.

CAPÍTULO 1: REVISÃO DE LITERATURA

1. O TOMATEIRO

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma planta herbácea pertencente à família das Solanáceas. Essa hortaliça é a segunda de maior importância econômica no mundo ficando atrás apenas da batata (Foolad 2007; Socaci et al., 2014; IBGE, 2019). Possui como centro de diversidade a região Andina, que engloba parte do Chile, Bolívia, Equador, Colômbia e Peru (Bai and Lindhout, 2007). No Brasil foi introduzido por imigrantes europeus no final do século XIX (Madeira et al., 2008).

A produção mundial do tomate, em 2019, foi de 180,8 milhões de toneladas em uma área de 5 milhões de hectares. A China é o maior produtor mundial, seguida dos Estados Unidos, Índia, Turquia e Egito. O Brasil ocupa o décimo lugar com uma produção de 3,9 milhões de toneladas em 54,3 mil hectares, com uma produtividade média de 71,8 toneladas por hectare (FAOSTAT, 2021).

Essa hortaliça possui crescimento simpodial, características de plantas em que sua estrutura é formada a partir do desenvolvimento de diversas gemas. As plantas podem apresentar hábito de crescimento, indeterminado, semi-determinado e determinado. Plantas com hábito do tipo indeterminado são utilizadas, predominantemente, nas cultivares destinadas a produção de frutos para consumo *in natura*. Nesta condição, o crescimento das plantas é contínuo e vigoroso, com presença de dominância da gema apical. Já o crescimento determinado predomina nas cultivares destinadas à produção de tomate para o processamento industrial, com crescimento vegetativo menos vigoroso e sua haste principal terminando em inflorescências (Filgueira, 2008).

As flores do tomateiro são regulares e hipóginas, com cinco ou mais pétalas dispostas de forma helicoidal, com o mesmo número de estames e com ovário bi ou plurilocular. As flores são hermafroditas, o que confere sua autogamia (Alvarenga, 2013).

Os frutos são do tipo baga, carnosa e suculenta, com 2 a “n” lóculos, que atingem maturação entre 30 e 40 dias após a fecundação do óvulo. No campo a duração da colheita varia de 1 a 3 meses (Filgueira, 2008). As sementes são reniformes, pequenas, coloração marrom clara e podem apresentar minúsculos pelos.

Um grama contém cerca de 300 sementes, sendo o fruto constituído por um número que varia de 50 a 200 sementes (Alvarenga, 2013).

Os frutos de tomate são fontes importantes de vitaminas e minerais para a dieta humana balanceada (Gürbüz Çolak et al., 2020). São fontes de potássio, ácido fólico, vitamina C, vitamina E, flavonoides e carotenoides (beta caroteno e licopeno). Estes compostos apresentam funções terapêuticas, as quais podem ajudar na prevenção de doenças como: o câncer, doenças cardiovasculares e neurodegenerativas (Waliszewski and Blasco, 2010; Palomo et al., 2010; Peixoto et al., 2017).

O consumo de um tomate fresco médio por dia pode fornecer cerca de 47% e 22% da recomendação diária de vitamina C e A, respectivamente (Foolad, 2007). Ademais, o tomate é uma rica fonte de licopeno. O licopeno é o responsável pela cor vermelha, sendo o principal carotenoide presente nos frutos. Este carotenoide representa, aproximadamente, 83% dos carotenoides totais, atuando como um potente antioxidante e contribuindo para reduzir o risco de doenças crônicas, protegendo as células contra danos oxidativos (Poojary and Passamonti, 2015). Estudos evidenciam alta correlação entre o consumo de licopeno e a baixa incidência de câncer de próstata (Giovannucci et al., 1995; Socaci et al., 2014).

A mistura de açúcares, aminoácidos, ácidos, minerais e compostos voláteis são responsáveis pelo sabor típico do tomate. A quantidade e a qualidade dos fitoquímicos presentes nos frutos do tomate é dependente das características genótípicas, bem como dos fatores ambientais e condições de manejo adotada nos campos de produção (Luthria et al., 2006). A qualidade comercial dos frutos é definida por características múltiplas, dependendo principalmente da atratividade externa, ou seja, das características físicas (cor, forma, tamanho, brilho, firmeza) e das características bioquímicas (principalmente o conteúdo em açúcares, ácidos, vitaminas, fitonutrientes, minerais e compostos voláteis) (Bertin and Génard, 2018).

As características bioquímicas de qualidade dos frutos foram pouco estudadas por muito tempo pelos programas de melhoramento genético da cultura. O principal enfoque, tanto para o mercado *in natura* quanto para fins de processamento, foi aumentar a produção de frutos por área e a resistência as diferentes doenças que causavam perdas nos rendimentos. (Bai and Lindhout, 2007).

Atualmente, com o aumento das exigências do mercado consumidor por frutos com melhor aparência visual, maior qualidade nutricional e menor utilização de agrotóxico, torna-se necessário melhorar todos os vários aspectos do sistema de

cultivo (Bertin and Génard, 2018). Dessa forma, é necessário o contínuo trabalho dos pesquisadores nos programas de melhoramento para o desenvolvimento de novas cultivares com maior rendimento, resistência a pragas e doenças e com características desejáveis de qualidade dos frutos.

2. REQUEIMA NO TOMATEIRO

A requeima, causada pelo oomiceto *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, é considerada a principal doença foliar do tomateiro e da batateira, que leva a perdas significativas de produtividade em todo o mundo (Kamoun et al., 2015). Nos campos de produção, estima-se que as perdas de rendimento podem atingir até 100%, em condições adequadas ao desenvolvimento do patógeno (Nowicki et al., 2012).

É considerada a principal doença foliar do tomateiro e a mais devastadora por quatro razões: a taxa de progresso da doença é muito elevada, assim, a cultura pode ser completamente comprometida com poucos dias de epidemia; baixos níveis de *P. infestans* são de difícil detecção no campo; cada lesão provocada pelo oomiceto pode produzir até 300 mil novos esporângios por dia, o que contribui para uma rápida propagação da doença; o ciclo assexuado do patógeno consiste da penetração do patógeno, colonização, esporulação, e a dispersão, que pode ocorrer em menos de cinco dias (Foolad et al., 2008).

Os primeiros relatos da requeima foram registrados na cultura da batata nos Estados Unidos, em 1843. Em 1845 se espalhou para Europa por meio de uma expedição de batatas de semente infestadas (Nowicki et al., 2013). Na Irlanda, a requeima provocou destruição generalizada dos campos de produção de batata, o que acarretou na morte de um milhão de pessoas e ao deslocamento de outro milhão de refugiados. Nos anos subsequentes a disseminação resultou em uma distribuição mundial da requeima e uma devastação global das plantações de batata e tomate. As perdas ocasionadas por esse patógeno estão relacionadas a redução do rendimento dos campos de produção, qualidade dos fruto e tempo da conservação pós-colheita, além do aumento do custo associado às aplicações de fungicida (Nowicki et al., 2012).

A requeima é uma doença de difícil controle, uma vez que variações da população do patógeno são comuns nas áreas produtoras, facilitando a adaptação às estratégias de controle, sejam pela utilização de cultivares resistentes ou agentes químicos (Fry, 2016), e sua esporulação abundante faz com que o *P. infestans* se

espalhe extremamente rápido (Leesutthiphonchai et al., 2018). Portanto, há uma busca contínua por novas estratégias de controle mais duráveis (Rodenburg et al., 2019).

Como agente fitopatogênico o sucesso de *P. infestans* está relacionado aos aspectos relativos à sua biologia reprodutiva, uma vez que, sua reprodução pode ocorrer tanto via assexuada quanto sexuada (Nowicki et al., 2012). O ciclo assexuado permite rápido crescimento populacional no tecido hospedeiro suscetível. Os esporângios são produzidos em esporangióforos que crescem a partir de tecido infectado. Os esporângios são deiscentes, principalmente em resposta a mudanças na umidade relativa, e podem ser facilmente dispersos para outras áreas do tecido da planta (Fry, 2008). Os esporângios podem germinar de modo direto formando tubo germinativo em temperaturas altas (cerca de 20-25 ótima °C) e alta umidade relativa (acima de 90%), ou indireto, formando zoósporos a temperaturas mais baixas (ótimas entre 10 e 15 °C) (Lima et al., 2009).

Os zoósporos são biflagelados e móveis por um curto período de tempo antes do encistamento, sendo possível a formação de até oito zoósporos em cada esporângio (Fry, 2008). Após o encistamento germinam e formam um tubo germinativo com um apressório para penetrar nas células epidérmicas da planta e colonizar o mesofilo, onde as hifas formam estruturas de alimentação intracelulares chamadas haustórios (Judelson and Ah-Fong, 2019). Normalmente, os sintomas são observados após pelo menos dois dias, ou ainda dentro de um ou dois dias, sob temperaturas moderadas e na presença de umidade (Fry, 2008).

O ciclo sexuado ocorre quando há o cruzamento de indivíduos do grupo de compatibilidade A1 com o A2 (Foolad et al., 2008). Quando os micélios dos dois grupos de compatibilidade interagem, a reprodução sexual pode ocorrer por meio da formação de oósporos (Cohen et al., 2007). Os oósporos podem sobreviver de um ciclo a outro em plantas daninhas, outros hospedeiros e no solo, sendo necessário um filme de água para que ocorra sua germinação.

A esporulação pode ocorrer 3 a 4 dias após a infecção, dependendo do ambiente, da raça do patógeno e do hospedeiro. Cada lesão pode produzir milhares de esporângios, com novos esporos formados diariamente durante vários dias. Muitos ciclos de infecção podem ocorrer dentro de 2 semanas, o que pode ocasionar a destruição de toda a lavoura (Fry et al., 2015).

Os sintomas podem ocorrer em qualquer parte da planta, porém nas folhas são mais intensos. As lesões são de formato irregular, coloração pardo-olivácea nos folíolos, com a presença de um halo verde mais claro ao redor das manchas foliares e observa-se um aspecto encharcado nas lesões. Em condições de alta umidade relativa do ar, há o crescimento de esporangióforos e esporângios na parte abaxial das folhas, conferindo uma coloração esbranquiçada no entorno da lesão, muito semelhante a um bolor branco e ralo (Bosco et al., 2009).

Atualmente, o uso de fungicidas é o método prevalecente para o controle da requeima (Pacilly et al., 2019). O manejo da doença é feito pelo princípio de proteção do hospedeiro, mediante da aplicação de fungicidas de caráter preventivo e/ou curativo, totalizando de 15 a 25 aplicações de fungicidas por cultivo (Fiorini et al., 2010). Dessa maneira, o custo de produção torna-se oneroso, além de causar outros problemas, tais como: aumento nas concentrações de resíduos nos frutos a serem comercializados, aumento do risco a vida do aplicador e dos demais seres vivos do ecossistema, lixiviação dos excessos de produtos pulverizados, surgimento de isolados resistentes (Duarte et al., 2007).

Ressalta-se ainda, o fato de que o uso indiscriminado de fungicidas acarretou a seleção de formas resistentes e mais agressivas do patógeno. Dessa forma, a abordagem mais promissora para alcançar o controle é a introdução de genes de resistência (Park et al., 2005). Entre os mecanismos de resistência a requeima no tomateiro incluem o de herança monogênica (resistência qualitativa) e o de herança poligênica (resistência quantitativa), os quais tem sido alvo de interesse dos programas de melhoramento durante muitos anos.

Os estudos sobre a resistência qualitativa nessa cultura estão relacionados com a descoberta dos alelos de resistência em espécies silvestres como *Solanum pimpinellifolium* L. (Nowicki et al., 2012). *S. pimpinellifolium* é um dos parentes mais próximos do tomate cultivado, e seus genes de resistência a doenças foram introduzidos no genoma do tomate cultivado (Strickler et al., 2015; Cui et al., 2017).

Inicialmente foram encontrados três genes de resistências, esses genes foram mapeados no cromossomo 7 (Ph-1), 10 (Ph-2), e 9 (Ph-3) (Nowicki et al., 2012). O gene Ph-1 é o único que possui dominância completa fornecendo resistência contra a raça T-0 do patógeno, mas tem sido rapidamente suplantado por novas raças.

A resistência condicionada pelo Ph-2 fornece apenas resistência parcial contra vários isolados do patógeno. Este gene possui dominância incompleta, e foi mapeado

no longo braço do cromossomo 10. Uma desvantagem do Ph-2 é que fornece apenas uma redução da taxa do desenvolvimento da doença, em vez de bloquear a doença, e que muitas vezes falha na presença de isolados mais agressivos (Zhang et al., 2014). Embora não seja considerado uma forte fonte de resistência por si só (Foolad et al., 2014; Ohlson and Foolad, 2016), quando utilizado em conjunto com o Ph-3 alto nível de resistência foi observado (Gardner and Panthee, 2010; Panthee and Gardner, 2011; Foolad et al., 2014).

O Ph-3 possui dominância incompleta para diversos isolados de *P. infestans*, o qual é um gene de resistência mais forte (Chen et al., 2008; Nowicki et al., 2012). Posteriormente, outros genes de resistências a *P. infestans* foram identificados e localizados, o Ph-4 no cromossomo 2 (Li et al., 2011) e o Ph-5 no cromossomo 1 (Foolad et al., 2008). Porém, há relatos que isolados de *P. infestans* quebraram a resistência conferida por esses genes (Chen et al., 2008; Miranda et al., 2010).

Além da resistência quantitativa promovida pelos genes Ph-1, Ph-2, Ph-3, Ph-4 e Ph-5, outras fontes de resistência a requeima foram identificadas em espécies silvestres do tomateiro. Dentre essas, podemos destacar a resistência quantitativa encontrada em *S. habrochaites* (Brouwer and Clair, 2004; Brouwer et al., 2004; Abreu et al., 2008) e *S. pennellii* (Smart et al., 2007). Porém, essas fontes de resistências ainda não foram implementadas nos programas de melhoramento com sucesso, uma vez que muitos dos Quantitative Trait Loci (QTLs) de resistência a requeima identificados em *S. habrochaites* estão ligados a características indesejáveis, o que acarreta o arraste de ligação ao empregar estratégias tradicionais de melhoramento, incluindo a seleção assistida por marcadores moleculares (Brouwer and Clair, 2004; Ohlson and Foolad, 2016). Ademais, os efeitos de muitos desses QTLs são relativamente pequenos ou de baixa herdabilidade (Smart et al., 2007; Abreu et al., 2008).

3. ESTRATÉGIA PARA CONDUÇÃO E AVALIAÇÃO DA RESISTÊNCIA A REQUEIMA NO TOMATE

Na condução das populações segregantes nos programas de melhoramento genético, a superioridade dos genótipos testados é avaliada de forma comparativa, tomando como referência as cultivares já estabelecidas, com satisfatório desempenho e adaptabilidade. Nessas condições, as análises são realizadas obtendo-se as

informações de um grupo aleatório de famílias em conjunto com um grupo fixo de testemunhas (Cruz et al., 2014).

Nas avaliações, principalmente nas primeiras fases dos programas de melhoramento, quando um elevado número de famílias é avaliado, a utilização dos delineamentos convencionais, como o em blocos casualizados, com um grande número de repetições se torna demasiadamente trabalhoso, além de resultar em controle local ineficiente e gerar perturbações que podem interferir na acurácia dos resultados. Além disso, outros problemas podem prejudicar os resultados, tais como, o custo e a disponibilidade de mão de obra nas avaliações, a baixa quantidade de sementes disponíveis.

Dessa forma, é de extrema importância escolher delineamentos alternativos para realização das avaliações. O delineamento em blocos com testemunhas intercalares é um delineamento não convencional, onde as famílias ou linhagens são representadas no ensaio por uma única parcela, enquanto as testemunhas são repetidas r vezes (Faleiro et al., 2002). Na área experimental as plantas são organizadas em fileiras, onde nas extremidades são alocadas as testemunhas e no centro as famílias.

Quando se utiliza o delineamento em blocos com testemunha intercalares as comparações do desempenho dos genótipos são realizados a partir dos valores corrigidos das famílias, considerando os efeitos ambientais que atuam de forma diferenciada nas fileiras na área experimental (Cruz et al., 2014). Dessa forma, os dados das testemunhas são aproveitados para obtenção de uma análise de variâncias mais apurada.

No experimento, as testemunhas também podem exercer a função de fornecer informações sobre a influência dos fatores ambientais sobre o comportamento dos genótipos avaliados (Cruz et al., 2014). Entretanto, diferentemente do delineamento em blocos casualizados, as estimativas das variações ambientais baseadas apenas nas testemunhas pode levar a estimativas dos parâmetros genéticos pouco acurados (Cruz, 2014), que pode ser prejudicial para a eficiência do processo seletivo.

4. ANÁLISE ESTATÍSTICA ESPACIAL

Nos programas de melhoramento a avaliação de grande número de progênies é imprescindível para a obtenção de sucesso, uma vez que é necessário a detecção

de diferenças cada vez menores entre elas. No entanto, para a correta estimação dos efeitos genéticos, a variação espacial dos experimentos de campo precisa ser modelada (Faveri et al., 2015).

Os dados experimentais obtidos de pesquisas nos campos experimentais possuem uma localização específica no espaço. Dessa forma, as técnicas estatísticas comumente utilizadas não são adequadas para o estudo de características que possuem dependências espaciais, o que pode contribuir para aumentar a variação residual e reduzir a eficiência da análise (Resende et al., 2014).

A utilização do princípio da casualização, neutraliza os efeitos da correlação espacial, para que a análise seja mais precisa. No entanto, a utilização da análise espacial é mais eficiente para a correção da correlação espacial existente. Ademais, a utilização da análise espacial possibilita a redução dos efeitos da fertilidade, estrutura do solo, umidade, interceptação de luz e outros fatores ambientais incidentes na área que não foram identificados antes da instalação do ensaio e, principalmente em experimentos para avaliação da reação das progênies a um determinado patógeno, a técnica pode diminuir a probabilidade de seleção de progênies tidas como resistentes em função de escape (Resende et al., 2014).

No melhoramento genético vários métodos para análise espacial foram sugeridos para melhorar a acurácia da fenotipagem. Abordagens espaciais comumente usados consideram a correlação entre resíduos de parcelas vizinhas para ajustar a tendência local ou variação em pequena escala. Esses métodos espaciais incluem análises de vizinho mais próximo (Bartlett, 1978; Wilkinson et al., 1983); métodos de análise de séries temporais via modelo auto-regressivo (AR), médias móveis (MA) e auto-regressivo - médias móveis (ARIMA) em duas dimensões (Martin, 1990; Cullis and Gleeson, 1991; Gilmour et al., 1997; Cullis et al., 2006); modelo linear de campo aleatório (Duarte, 2000; Zimmerman and Harville, 2006); ajuste de superfícies de resposta polinomiais (Federer, 1998).

Em experimentos conduzidos em campo, utilizando a abordagem de modelos misto, Gilmour et al. (1997) propôs uma metodologia que possibilita aumentar a acurácia experimental. Inicialmente é realizado o ajuste do modelo AR1 bidimensional, que permite levar em consideração as tendências locais da área experimental. Já as tendências globais, que refletem a variação em grande escala no campo, são modeladas por polinômios unidimensionais ou *splines* na direção de linhas e / ou colunas (Velazco et al., 2017).

Para a realização das análises é utilizado o modelo misto espacial, assumido que existem dados para n parcelas de tal forma que o julgamento é indexado por linhas e colunas em um arranjo $l \times c$. Dessa forma, o modelo linear misto pode ser expresso de acordo com Gilmour et al. (1997) por:

$$Y = X\tau + Z\mu + \varepsilon + \eta$$

Em que:

Y : é o vetor das observações, de dimensões $(n) \times (1)$;

X : é a matriz de incidência dos efeitos fixos do delineamento, de dimensões $(n) \times (t)$;

τ : é o vetor de efeitos fixos desconhecidos, a serem estimados, de dimensões $(t) \times (1)$;

Z : é a matriz de incidência dos efeitos aleatórios do delineamento, de dimensões $(n) \times (b)$;

μ : é o vetor de efeitos aleatórios desconhecidos, a serem preditos, de dimensões $(b) \times (1)$;

ε : é o vetor de erros aleatórios, com dependência espacial, de dimensões $(n) \times (1)$;

η : é um vetor de erros independentes dentro da parcela, de dimensões $(n) \times (1)$;

n : é o número de observações;

t : é o número de efeitos fixos;

b : é o número de efeitos aleatórios.

Para a estimação dos parâmetros nas análises espaciais os modelos assumem a distribuição Gaussiana conjunta de (μ, ε, η) , com media zero e variância

$$\sigma^2 \begin{bmatrix} G(\gamma) & 0 & 0 \\ 0 & \Sigma(\alpha) & 0 \\ 0 & 0 & \psi(I) \end{bmatrix}$$

Onde: $\psi = \sigma^2_{\eta} / \sigma^2$, σ^2_{η} = variância do erro independente; γ = vetor de proporções dos componentes de variância correspondentes a possíveis sub-vetores em μ e α = vetor de parâmetros de covariância espacial. A distribuição Marginal de γ é dada por:

$$\gamma \sim N(X\tau, \sigma^2 (ZGZ' + R))$$

Onde $R = R(\Phi) = \Sigma + \psi I$, $\Phi = (\alpha', \psi)'$.

Para a melhor identificação da variação experimental no campo, uma alternativa, é através da construção de variograma de amostra e, posterior, realização do teste de razão de verossimilhança (Gilmour et al., 1997). Os variogramas representam uma função de semivariância em relação às suas respectivas distâncias e é utilizado para a estimação da estrutura de variabilidade espacial como função da distância entre as observações. O variograma amostral é construído plotando-se os valores calculados de semivariâncias no eixo das ordenadas contra as respectivas distâncias no eixo das abcissas (Resende et al., 2014).

5. SELEÇÃO PARA MÚLTIPLAS CARACTERÍSTICAS

Para a seleção de genótipos promissores, nos programas de melhoramento genético, a utilização de índices de seleção é uma estratégia viável, para que a seleção seja realizada de forma simultânea para caracteres de interesse agrônômico, obtendo genótipos mais próximos do ideótipo (Woyann et al., 2020).

O ideótipo pode ser definido como “uma combinação ótima de características morfológicas e fisiológicas que resulta em uma correspondência eficiente do material vegetal ao seu ambiente” (Debaeke and Quilot-Turion, 2014).

No melhoramento de plantas e animais o primeiro índice de seleção simultânea foi proposto por (Smith, 1936) e por (Hazel, 1943), respectivamente. Estes índices são baseados na seleção de valores genéticos desconhecidos. Dessa forma, a utilização dos valores fenotípicos e covariâncias genéticas são necessários para determinar

como um vetor de pesos deve ser escolhido a fim de maximizar a correlação de valores genéticos desconhecidos e valores fenotípicos (Hazel et al., 1994).

Atualmente, o índice clássico Smith-Hazel tem sido usado com sucesso. No entanto, uma das dificuldades de aplicação desse índice é a falta de um procedimento para ponderar as características de importância econômica (Cerón-Rojas et al., 2006; Stephens et al., 2012).

Na utilização dos índices de seleção, a multicolinearidade observada quando se avalia várias características, pode causar sérias dificuldades para a correta interpretação dos resultados. Ademais, pode acarretar conclusões errôneas, pesquisas mal direcionadas e medidas de conservação ineficazes (Rocha et al., 2018).

Para contornar as adversidades encontradas nos índices de seleção comumente utilizados, Rocha et al. (2018) propôs um índice de seleção baseado na análise fatorial e distância genótipo-ideótipo (índice FAI-BLUP), o qual permite o ordenamento dos genótipos com base em múltiplos caracteres. Além disso, esse índice dispensa o uso de pesos e não apresenta problemas de multicolinearidade, resultando em ganhos mais equilibrados para o conjunto de caracteres de interesse. Esse índice tem sido usado com sucesso para seleção de múltiplas características de genótipos para diversos fins (Silva et al., 2018; Oliveira et al., 2019; Woyann et al., 2019; Rocha et al., 2019). Dessa forma, representa uma boa estratégia para seleção de genótipos de tomateiro resistentes a requeima quando a qualidade dos frutos.

No FAI-BLUP os dados são analisados utilizando a metodologia de modelo misto via REML/BLUP (máxima verossimilhança residual restrita / melhor predição linear imparcial) (Patterson and Thompson, 1971; Henderson, 1975). Para testar a significância dos efeitos aleatórios é feito o teste da razão de verossimilhança, usando a estatística qui-quadrado com um grau de liberdade.

Com base nas características avaliadas é predito os valores genéticos (médias do BLUP). Os valores genéticos (médias BLUP) são então submetidos ao índice de seleção FAI-BLUP, baseado em análise fatorial e desenho genótipo-ideótipo, construído anteriormente, para classificar os genótipos (Rocha et al., 2018).

6. REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abreu, F.F.B., Silva, D.D.J.H., Cruz, C.C.D. and Mizubuti, E.E.S.G. 2008. Inheritance of resistance to *Phytophthora infestans* (Peronosporales, Pythiaceae) in a new source of resistance in tomato (*Solanum* sp.(formerly *Lycopersicon* sp.). *Genetics and Molecular Biology* 31:493–497. doi: 10.1590/S1415-47572008000300016
- Adalid, A.M., Roselló, S., Valcárcel, M., and Nuez, F. 2011. Analysis of the genetic control of β -carotene and l-ascorbic acid accumulation in an orange-brownish wild cherry tomato accession. *Euphytica* 184:251–263. doi: 10.1007/s10681-011-0584-x
- Alvarenga, M. 2013. *Tomate: Produção em campo, casa de vegetação e hidroponia*, Editora Un. 2 ed, Lavras.
- Bai, Y., and Lindhout, P. 2007. Domestication and breeding of tomatoes: What have we gained and what can we gain in the future? *Annals of Botany* 100:1085–1094. doi: 10.1093/aob/mcm150
- Bartlett, M.S. 1978. Nearest Neighbour Models in the Analysis of Field Experiments. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)* 40:147–158. doi: 10.1111/j.2517-6161.1978.tb01657.x
- Bertin, N., and Génard, M. 2018. Tomato quality as influenced by preharvest factors. *Scientia Horticulturae* 233:264–276
- Bosco, L., Heldwein, A. and Lucas, D. 2009 Sistema de previsão de ocorrência de requeima em clones de batata suscetíveis e resistentes. *Ciência rural* 39:1024
- Brouwer, D.J., and Clair, D.A.S. 2004. Fine mapping of three quantitative trait loci for late blight resistance in tomato using near isogenic lines (NILs) and sub-NILs. *Theoretical and Applied Genetics* 108:628–638. doi: 10.1007/s00122-003-1469-8
- Brouwer, D.J., Jones, E.S., and Clair, D.A.S. 2004. QTL analysis of quantitative resistance to *Phytophthora infestans* (late blight) in tomato and comparisons with potato. *Genome* 47:475–492. doi: 10.1139/g04-001
- Cerón-Rojas, J.J., Crossa, J., Sahagún-Castellanos, J., González, F. C., and Santacruz-Varela, A. 2006. A Selection Index Method Based on Eigenanalysis. *Crop Science* 46:1711–1721. doi: 10.2135/cropsci2005.11-0420
- Chen, C.H., Sheu, Z.M., and Wang, T.C. 2008. Host Specificity and Tomato-Related Race Composition of *Phytophthora infestans* Isolates in Taiwan During 2004 and 2005. *Plant Disease* 92:751–755. doi: 10.1094/PDIS-92-5-0751

- Cohen, Y., Farkash, S., Reshit, Z., and Baider, A. 2007. Oospore Production of *Phytophthora infestans* in Potato and Tomato Leaves. *Phytopathology* 87:191–196. doi: 10.1094/phyto.1997.87.2.191
- Costa, J.R., Bueno Filho, J.S.S., and Ramalho, M.A.P. 2005. Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 40:1073–1079. doi: 10.1590/s0100-204x2005001100004
- Cruz, C.D., Carneiro, P.C.S., and Regazzi, A.J. 2014 *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético - Vol 3, 3º*. Editora UFV, Viçosa
- Cruz, E.M. 2001. Seleção de famílias de milho-pipoca avaliadas com testemunhas intercalares. Universidade Federal de Viçosa
- Cui, J., Luan, Y., and Jiang, N. 2017. Comparative transcriptome analysis between resistant and susceptible tomato allows the identification of lncRNA16397 conferring resistance to *Phytophthora infestans* by co-expressing glutaredoxin. *The Plant Journal* 89:577–589. doi: 10.1111/tpj.13408
- Cullis, B.R., and Gleeson, A.C. 1991. Spatial Analysis of Field Experiments-An Extension to Two Dimensions. *Biometrics* 47:1449–1460. doi: 10.2307/2532398
- Cullis, B.R., Smith, A.B., and Coombes, N.E. 2006. On the design of early generation variety trials with correlated data. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics* 11:381–393. doi: 10.1198/108571106X154443
- Debaeke, P., and Quilot-Turion, B. 2014. Conception d'idéotypes de plantes pour une agriculture durable. Collection École-chercheurs INRA Forma Sciences FPN INRA. INRA FormaSciences, Paris
- Duarte, H., Zambolim, L., and Waldir, W. 2007. Manejo da requeima do tomateiro industrial empregando sistema de previsão. *Summa Phytopathol* 33:328–334
- Duarte, J. 2000. Sobre o emprego e a análise estatística do delineamento em blocos aumentados no melhoramento genético vegetal. 293
- Faveri, J., Verbyla, A.P., Pitchford WS, Venkatanagappa, S., and Cullis, B.R. 2015. Statistical methods for analysis of multi-harvest data from perennial pasture variety selection trials. *Crop and Pasture Science* 66:947–962. doi: 10.1071/CP14312
- Faleiro, F.G., Cruz, C.D., De Castro, C., Moreira, M.A., and De Barros, E.G. 2002. Comparação de blocos casualizados e testemunhas intercalares na estimação de parâmetros genéticos em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 37(12): 1675–1680. doi: 10.1590/S0100-204X2002001200001.

- FAOSTAT. 2021. Food and Agriculture Organization of the United Nations. In: Acesso em: 10 jan. 2021. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Accessed 10 Jan 2021
- Federer, W.T. 1998. Recovery of Interblock, Intergradient, and Intervariety Information in Incomplete Block and Lattice Rectangle Designed Experiments. *Biometrics* 54(2): 471. doi: 10.2307/3109756.
- Filgueira, F.A.R. 2008. Novo Manual de Olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças, 3 ed. UFV, Viçosa, MG
- Fiorini, C.V.A., da Silva, D.J.H., Fonseca, F.S., Mizubuti, E.S.G., Alves, D.P., and Cardoso, T.S. 2010. Agrupamento de curvas de progresso de requeima, em tomateiro originado de cruzamento interespecífico. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 45, 1095–1101. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010001000007>
- Foolad, M., Merk, H., and Ashrafi, H. 2008. Genetics, genomics and breeding of late blight and early blight resistance in tomato. *Critical Reviews in Plant Sciences* 27: 75–107. doi: 10.1080/07352680802147353.
- Foolad, M.R. 2007. Genome mapping and molecular breeding of tomato. *International Journal of Plant Genomics* 2007:64358. doi: 10.1155/2007/64358
- Foolad, M.R., Sullenberger, M.T., Ohlson, E.W., and Gugino, B.K. 2014. Response of accessions within tomato wild species, *Solanum pimpinellifolium* to late blight. *Plant Breeding* 133:401–411. doi: 10.1111/pbr.12172
- Fry, W.E. 2008. *Phytophthora infestans*: the plant (and R gene) destroyer. *Molecular plant pathology*. 9(3):385-402. doi: 10.1111/j.1364-3703.2007.00465.x.
- Fry, W.E. 2016. *Phytophthora infestans*: New Tools (and Old Ones) Lead to New Understanding and Precision Management. *Annual Review of Phytopathology* 54:529–547. doi: 10.1146/annurev-phyto-080615-095951
- Fry, W.E., Birch, P.R.J, Judelson, H.S., Grünwald, M.J., Danies, G., Everts, K.L., Gevens, A.J., Gugino, B.K., Johnson, D.A., McGrath, M.T., Myers, K.L., Ristaino, J.B., Roberts, P.D., Secor, G., and Smart, C.D. 2015. Five reasons to consider *phytophthora infestans* a reemerging pathogen. *Phytopathology* 105:966–981. doi: 10.1094/PHYTO-01-15-0005-FI
- Gardner, R.G., and Panthee, D.R. 2010. “Plum Regal” fresh-market plum tomato hybrid and its parents, NC 25p and NC 30p. *HortScience* 45:824–825
- Gilmour, A.R., Cullis, B.R., and Verbyla, A.P. 1997. Accounting for Natural and Extraneous Variation in the Analysis of Field Experiments. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics* 2(3): 269. doi: 10.2307/1400446.

- Giovannucci, E., Ascherio, A., Rimm, E.B., Stampfer, M.J., Colditz, G.A., and Willett, W.C. 1995. Intake of carotenoids and retinol in relation to risk of prostate cancer. *Journal of the National Cancer Institute* 87:1767–76
- Gürbüz Çolak, N., Eken, N.T., Ülger, M., Frary, A., and Doğanlar, S. 2020. Mapping of quantitative trait loci for antioxidant molecules in tomato fruit: Carotenoids, vitamins C and E, glutathione and phenolic acids. *Plant Science* 292:110393. doi: 10.1016/j.plantsci.2019.110393
- Hazel, L.N. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28(6): 476–490.
- Hazel, L.N., Dickerson, G.E., and Freeman, A.E. 1994. The Selection Index—Then, Now, and for the Future. *Journal of Dairy Science* 77:3236–3251. doi: 10.3168/jds.S0022-0302(94)77265-9
- Henderson, C.R. 1975. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics* 31, 423. <https://doi.org/10.2307/2529430>
- IBGE. 2019. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/2415/epag_2019_dez.pdf. Acesso em: dezembro/2020.
- Judelson, H.S., and Ah-Fong, A.M.V. 2019. Exchanges at the plant-oomycete interface that influence disease. *Plant Physiology* 179:1198–1211. doi: 10.1104/pp.18.00979
- Kamoun, S., Furzer, O., Jones, J.D.G., et al. 2015 The Top 10 oomycete pathogens in molecular plant pathology. *Molecular Plant Pathology* 16:413–434. doi: 10.1111/mpp.12190
- Leesutthiphonchai, W., Vu, A.L., Ah-Fong, A.M.V., and Judelson, H.S. 2018. How does phytophthora infestans evade control efforts? Modern insight into the late blight disease. *Phytopathology* 108:916–924. doi: 10.1094/PHYTO-04-18-0130-IA
- Li, G., Huang, S., Guo, X., Li, Y., Yang, Y., Guo, Z., Kuang, H., Rietman, H., Bergervoet, M., Vleeshouwers, V.G.A.A., van der Vossen, E., Qu, D., Visser, R.G.F., Jacobsen, E., and Vossen, J.H. 2011. Cloning and characterization of r3b; members of the r3 superfamily of late blight resistance genes show sequence and functional divergence. *Molecular plant-microbe interactions*: MPMI 24:1132–42. doi: 10.1094/MPMI-11-10-0276
- Lima, M.A., Maffia, L.A., Barreto, R.W., and Mizubuti, E.S.G. 2009. Phytophthora infestans in a subtropical region: survival on tomato debris, temporal dynamics of

- airborne sporangia and alternative hosts. *Plant Pathology* 58:87–99. doi: 10.1111/j.1365-3059.2008.01951.x
- Luthria, D.L., Mukhopadhyay, S., and Krizek, D.T. 2006. Content of total phenolics and phenolic acids in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.) fruits as influenced by cultivar and solar UV radiation. *Journal of Food Composition and Analysis* 19:771–777. doi: 10.1016/J.JFCA.2006.04.005
- Maach, M., Boudouasar, K., Akodad, M., Skalli, A., Moumen, A., and Baghour, M. 2020. Application of biostimulants improves yield and fruit quality in tomato. *Int. J. Veg. Sci.* <https://doi.org/10.1080/19315260.2020.1780536>
- Madeira, N., Reifschneider, F., and Giordano, L. 2008. artigo convidado / Invited Article. *October* 26:428–432
- Martin, R.J. 1990 The use of time-series models and methods in the analysis of agricultural field trials. *Communications in Statistics - Theory and Methods* 19:55–81. doi: 10.1080/03610929008830187
- Miranda, B.E.C, Suassuna, N.D., and Reis, A. 2010. Mating type, mefenoxam sensitivity, and pathotype diversity in *Phytophthora infestans* isolates from tomato in Brazil. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 45:671–679. doi: 10.1590/S0100-204X2010000700006
- Nowicki, M., Foolad, M.M.R. Nowakowska, M., and Kozik, E.U.E. 2012. Potato and tomato late blight caused by *Phytophthora infestans*: An overview of pathology and resistance breeding. *Plant Disease* 96(1): 4–17. doi: 10.1094/PDIS-05-11-0458
- Nowicki, M., Kozik, E.U., and Foolad, M. 2013. Late Blight of Tomato. *Translational Genomics of Crop Breeding* 1:241–265. doi: 10.1002/9781118728475.ch13
- Ohlson, E.W., and Foolad, M.R. 2016. Genetic analysis of resistance to tomato late blight in *Solanum pimpinellifolium* accession PI 163245. *Plant Breeding* 398:391–398. doi: 10.1111/pbr.12366
- Oliveira, I.C.M., Marçal, T. de S., Bernardino, K. da C., Ribeiro, P.C. de O., Parrella, R.A. da C., Carneiro, P.C.S., Schaffert, R.E., and Carneiro, J.E. de S. 2019. Combining Ability of Biomass Sorghum Lines for Agroindustrial Characters and Multitrait Selection of Photosensitive Hybrids for Energy Cogeneration. *Crop Sci.* 59: 1554–1566. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.11.0693>
- Pacilly, F.C.A, Lammerts van Bueren, E.T., Groot, J.C.J., and Hofstede, G.J. 2019. Moving perceptions on potato late blight control: Workshops with model-based

- scenarios. In: *Crop Protection*. Elsevier Ltd, pp 76–87
- Palomo, G.I., Fuentes, Q.E., Carrasco S G, González, D.R., and Moore-Carrasco, R. 2010. Actividad antioxidante, hipolipemiante y antiplaquetaria del tomate toamte (*Solanum lycopersicum* L.) y el efecto de su procesamiento y almacenaje. *Revista chilena de nutrición* 37:524–533. doi: 10.4067/S0717-75182010000400014
- Panthee, D.R., and Gardner, R.G. 2011. ‘ Mountain Merit ’: A Late Tomato Hybrid. *HortScience* 45:1547–1548
- Patterson, H.D., and Thompson, R. 1971. Biometrika Trust Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal, Source: *Biometrika*.
- Park, T.H., Vleeshouwers, V.G.A.A., Hutten, R.C.B., Van Eck, H.J., Van Der Vossen, E., Jacobsen, E., and Visser, R.G.F., 2005. High-resolution mapping and analysis of the resistance locus Rpi-abpt against *Phytophthora infestans* in potato. *Mol. Breed.* 16: 33–43. <https://doi.org/10.1007/s11032-005-1925-z>
- Peixoto, J.V.M., Moraes, E.R. Peixoto, J.L.M., Nascimento, A.R., and Neves, J.G. 2017. Tomaticultura: Aspectos Morfológicos E Propriedades Físico-Químicas Do Fruto. *Revista Científica Rural* 19:96–117
- Poojary, M.M., and Passamonti, P. 2015. Extraction of lycopene from tomato processing waste: Kinetics and modelling. *Food Chemistry* 173:943–950. doi: 10.1016/j.foodchem.2014.10.127
- Resende, D.V. de, Silva, F.F., and Azevedo, C.F. 2014. *Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categóricos e Generalizados (REML/BLUP), Interência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTL-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência*. Suprema, Viçosa - MG.
- Reis, A. 2010. Requeima: doença destrutiva e comum ao tomateiro e à batateira. Comunicado Técnico, n. 78, Embrapa Hortaliças, Brasília
- Rocha, J.R. do A.S. de C., Machado, J.C., and Carneiro, P.C.S. 2018. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *GCB Bioenergy* 10, 52–60. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>
- Rocha, J.R. do A.S. de C., Nunes, K.V., Carneiro, A.L.N., Marçal, T. de S., Salvador, F.V., Carneiro, P.C.S., and Carneiro, J.E.S. 2019. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. *Agron. J.* 111, 1181–1189. <https://doi.org/10.2134/agronj2018.12.0761>

- Rodenburg, S.Y.A, Seidl M.F., Judelson, H.S., Vu, A.L., Govers, D., and Ridder, D. 2019. Metabolic model of the *Phytophthora infestans*-tomato interaction reveals metabolic switches during host colonization. *mBio* 10:4. doi: 10.1128/mBio.00454-19
- Silva, M.J., Carneiro, P.C.S., de Souza Carneiro, J.E., Damasceno, C.M.B., Parrella, N.N.L.D., Pastina, M.M., Simeone, M.L.F., Schaffert, R.E., and Parrella, R.A.C. 2018. Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. *Industrial Crops and Products*, 125, 379-385. doi: 10.1016/j.indcrop.2018.08.022
- Smart, C.D., Tanksley, S.D., Mayton, H., and Fry, W.E. 2007. Resistance to *Phytophthora infestans* in *Lycopersicon pennellii*. *Plant Disease* 91:1045–1049. doi: 10.1094/pdis-91-8-1045
- Smith, H.F. 1936. A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics* 7:240–250. doi: 10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x
- Stephens, M.J., Alspach, P.A., Beatson, R.A., and Winefield, C. 2012. Genetic parameters and development of a selection index for breeding red raspberries for processing. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 137:236–242. doi: 10.21273/jashs.137.4.236
- Socaci, S.A., Socaciu, C., Mureșan, C., Fărcaș, A., Tofană, M., Vicaș, S., and Pinteia, A. 2014. Chemometric Discrimination of Different Tomato Cultivars Based on Their Volatile Fingerprint in Relation to Lycopene and Total Phenolics Content. *Phytochem. Anal.* 25: 161–169. <https://doi.org/10.1002/pca.2483>
- Strickler, S.R., Bombarely, A., Munkvold, J.D., Thomas York, T., Menda, N., Martin, G.B., and Muller, L. 2015. Comparative genomics and phylogenetic discordance of cultivated tomato and close wild relatives. *PeerJ* 2015:e793. doi: 10.7717/peerj.793
- Tm, P., A. Pranathi, K. Saiashritha, N.B. Chittaragi, and S.G. Koolagudi. 2018. Tomato Leaf Disease Detection Using Convolutional Neural Networks. In 2018 Eleventh International Conference on Contemporary Computing (IC3), pages 1–5.
- Velazco, J.G., Rodríguez-Álvarez, M.X., Boer, M.P., Jordan, D.R., Eliers, P.H.C., Malosetti, M., and Eeuwijk, F.A.V. 2017. Modelling spatial trends in sorghum breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. *Theoretical and Applied Genetics*. 130: 1375-1392. doi: 10.1007/s00122-017-2894-4.
- Waliszewski, K.N., and Blasco, G. 2010. Nutraceutical properties of lycopene. *Salud*

- publica de Mexico 52:254–265. doi: 10.1590/S0036-36342010000300010
- Wilkinson, G.N., Eckert, S.R., Hancock, T.W., and Mayo, O. 1983. Nearest Neighbour (Nn) Analysis of Field Experiments. *Journal of the Royal Statistical Society: Series B (Methodological)* 45:151–178. doi: 10.1111/j.2517-6161.1983.tb01240.x
- Woyann, L.G., Meira, D., Matei, G., Zdziarski, A.D., Dallacorte, L.V., Madella, L.A., and Benin, G. 2020. Selection indexes based on linear-bilinear models applied to soybean breeding. *Agronomy Journal* 112:175–182. doi: 10.1002/agj2.20044
- Woyann, L.G., Meira, D., Zdziarski, A.D., Matei, G., Milioli, A.S., Rosa, A.C., Madella, L.A., and Benin, G., 2019. Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. *Ind. Crops Prod.* 140, 111721. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2019.111721>
- Zhang, C., Liu, L., Wang, X., Vossen, J., Li, G., Li, T., Zheng, Z., Gao, J., Guo, Y., Visser, R.G.F., Li, J., Bai, Y, and Du, Y. 2014 The Ph-3 gene from *Solanum pimpinellifolium* encodes CC-NBS-LRR protein conferring resistance to *Phytophthora infestans*. *Theoretical and Applied Genetics* 127:1353–1364. doi: 10.1007/s00122-014-2303-1
- Zimmerman, D.L., and Harville, D.A. 2006. A Random Field Approach to the Analysis of Field-Plot Experiments and Other Spatial Experiments. *Biometrics* 47:223. doi: 10.2307/2532508

CAPÍTULO 2: MODELOS DE TENDÊNCIA ESPACIAIS COMO FERRAMENTA AUXILIAR PARA SELEÇÃO MAIS ACURADA DE GENÓTIPOS DE TOMATEIRO RESISTENTES À *P. infestans*

RESUMO

Nas etapas iniciais dos programas de melhoramento, o delineamento em blocos com testemunhas intercalares é uma alternativa viável para ser utilizada, uma vez que, por meio de sua utilização, há substancial redução da área experimental e, por conseguinte, diminuição dos custos financeiros e operacionais. Nessa situação, a utilização da análise espacial pode permitir a predição mais acurada dos valores genotípicos das famílias. Assim, objetivou-se testar modelos que reduzem o erro experimental e selecionar aquele mais adequado para seleção de famílias resistentes à requeima. Foram avaliadas 200 famílias $F_{3:4}$ de tomateiro quanto a resistência à requeima. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares NC1CELBR, NC25P e a cultivar Santa Clara®. No campo, as plantas foram inoculadas e posteriormente receberam notas de acordo com a severidade da doença. Nove modelos estatísticos foram ajustados para estimar os valores genotípicos. A seleção do melhor modelo foi realizada por meio dos valores da variância residual, acurácia, Critério de Informação Akaike, Critério de Informação Bayesiano e pelo teste da razão de máxima verossimilhança. Observou-se padrões espaciais no campo experimental. A utilização da análise espacial reduziu o erro e aumentou a precisão experimental. O modelo $y = Xb + Zg + Sc + S/ + \xi$ (8) foi o melhor para seleção das famílias de tomateiro resistentes à requeima. Assim, a utilização da análise espacial para seleção de famílias de tomateiro resistentes a requeima é recomendada a fim de se obter maior eficiência e ganho na seleção.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, *Phytophthora infestans*, testemunhas intercalares, parâmetros genéticos, critérios de seleção.

1. INTRODUÇÃO

A requeima, doença causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary é, entre aquelas que causam prejuízos ao cultivo do tomateiro, aquela que causa maior comprometimento dos tecidos foliares da cultura. Atribui-se a requeima, a capacidade de ocasionar perdas mais severas de produtividade em consequência da sua elevada taxa de progresso da doença. Essa doença pode comprometer todo o campo de produção, o que ocasionam sérios prejuízos econômicos (Duarte et al., 2007; Foolad et al., 2008; Nowicki et al., 2012; Humza et al., 2017).

Medidas que visam diminuir a velocidade com a qual a epidemia se desenvolve são imperativas, e, atualmente baseiam-se principalmente na utilização do controle químico preventivo de misturas protetoras e fungicidas sistêmicos (Jia and Foolad, 2019).

As aplicações preventivas de fungicidas têm um custo financeiro considerável (Foolad et al., 2008). Ademais, apesar de eficiente, a aplicação demasiada de fungicidas, pode perturbar a sustentabilidade do agroecossistema, tendo em vista, os danos sociais, econômicos e ambientais decorrentes da utilização inadequada das formulações (Yang et al., 2011).

A fim de maximizar a sustentabilidade dos sistemas de produção, a abordagem mais promissora para potencializar o controle da requeima e de outras doenças no tomateiro é a introdução de genes de resistência por meio dos programas de melhoramento genético (Jia and Foolad, 2019). No entanto, as avaliações da resistência a requeima em campo demandam a utilização de grande quantidade de recursos, devido ao número elevado de famílias que devem ser avaliadas. Dessa forma, mesmo com pequenos números de repetições os experimentos se tornam excessivamente grandes, nos quais as variações espaciais, provavelmente, sejam um obstáculo à estimativa confiável dos valores genotípicos (Velazco et al., 2017).

Nesse contexto, o delineamento com testemunhas intercalares é uma alternativa viável. Neste tipo de delineamento, cada uma das famílias é representada por uma única parcela no experimento, enquanto as testemunhas são repetidas “*r*” vezes. Logo, as análises genéticas das famílias são realizadas com base nas informações individuais e as estimativas das variações ambientais são baseadas nas testemunhas. Esse delineamento é vantajoso, principalmente quando o número de famílias avaliadas é elevado, quando a quantidade de sementes é baixa ou, ainda,

quando é necessário reduzir custos, mão de obra e área experimental. Apesar das vantagens da utilização de delineamentos alternativos, seu uso pode comprometer a precisão e acurácia experimental, uma vez que, estimativas das variações ambientais baseadas apenas nas testemunhas podem levar à estimativas de parâmetros genéticos viesadas (Faleiro et al., 2002).

Nessa situação, é necessário incorporar metodologias adequadas de avaliação aos delineamentos propostos. A análise espacial é um método que permite a predição mais acurada dos valores genotípicos das famílias. Esse tipo de análise modela a dependência espacial na forma de matriz de variâncias e covariâncias residuais, considerando a distância entre parcelas no campo experimental. Assim, as variações decorrentes da fertilidade do solo, umidade, interceptação de luz e outros fatores ambientais são minimizadas (Resende et al., 2014).

A aplicação da estatística espacial tem sido amplamente utilizada como alternativa à análise de dados em programas de melhoramento genético de várias culturas (Casanoves et al., 2005; Duarte and Vencovsky, 2005; Costa et al., 2005; Candido et al., 2009; Maia et al., 2013; Campos et al., 2016). No entanto, até o presente momento, não foram encontradas referências sobre o emprego da abordagem espacial para modelar os erros na análise de variância para experimentos de seleção de famílias de tomateiro resistentes a requeima.

Diante do exposto, os objetivos desse trabalho foram (i) utilizar modelos que reduzam o erro experimental em relação ao modelo tradicional de testemunhas intercalares (ii) identificar padrões espaciais no campo experimental e (iii) selecionar o modelo mais adequado para a predição dos valores genéticos de famílias de tomateiro para resistência à requeima.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Local e condução dos experimentos

O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (“UEPE Horta Velha”) do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, localizada em Viçosa-MG (20° 45’ 14” S; 42° 52’ 53” W; 648 m de altitude).

A classificação textural do solo foi Argilo-arenosa na profundidade de 0-20 cm (Lemos and Santos, 1996). Os atributos químicos e físicos do solo são: pH (água)=

6,0; P= 67,1 mg dm⁻³; K⁺= 150,0 mg dm⁻³; MO= 3,0 dag kg⁻¹; Al⁺³= 0,0 cmol_c L⁻¹; Ca⁺²= 4,5 cmol_c L⁻¹; Mg⁺²= 1,0 cmol_c L⁻¹; CTC (T)= 10,2 cmol_c L⁻¹; V (%)= 58; m (%)= 0,0; argila = 36 %; areia= 46 % e silte= 18 %.

O delineamento utilizado foi em blocos com testemunhas intercalares, totalizando 10 blocos, com 20 famílias por bloco, sendo cada família representada por cinco plantas, das quais foram avaliadas as três centrais. Foram adicionadas três testemunhas repetidas três vezes, intercaladas no início, meio e fim dos blocos, conforme esquema apresentado na figura 1. As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, contendo substrato comercial Tropstrato[®]. O transplante para o campo ocorreu 40 dias após o semeio, quando apresentavam entre 4-5 folhas definitivas totalmente expandidas, com espaçamento de 1,0 m x 0,5 m.

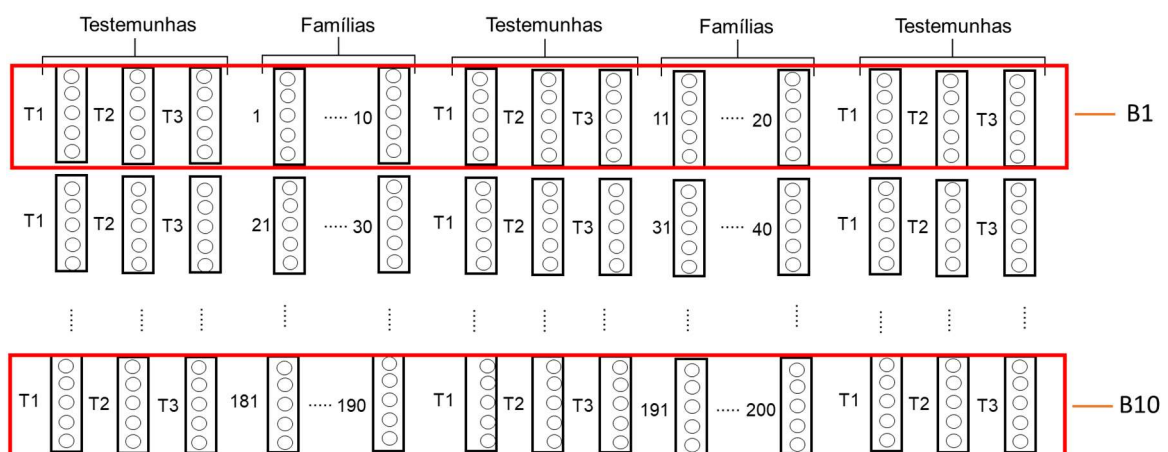


Figure 1: Croqui utilizado para alocação das parcelas das famílias de tomateiro no campo.

O experimento totalizou 870 plantas avaliadas, das quais 270 são testemunhas e 600 plantas pertencentes às 200 famílias.

As adubações foram realizadas conforme a análise de solos e a recomendação de acordo com a 5ª aproximação (Ribeiro et al., 1999) e a recomendação de Alvarenga (2013). Os tratos culturais foram realizados conforme a necessidade e recomendação para a cultura.

2.2 Material vegetal

Foram avaliadas 200 famílias $F_{3:4}$ de *Solanum lycopersicum* provenientes da cultivar híbrida (F_1) Iron Lady. Essa cultivar apresenta como principal característica a presença dos genes de resistência à requeima *Ph2* e *Ph3*. Como testemunhas resistentes foram utilizadas as cultivares NC1CELBR (T1) que possui os genes *Ph2* e *Ph3*, e a NC25P (T2) que possui apenas o gene *Ph3* e como testemunha suscetível foi utilizada a cultivar Santa Clara (T3).

2.3 Preparação dos isolados e inoculação

Para a obtenção da solução de inóculo, foram coletados isolados de *P. infestans* de plantas de tomateiro das lavouras do município de Coimbra – MG, Brasil, localizada na Zona da Mata Mineira. Após as coletas os folíolos infectados foram lavados e, posteriormente, adicionados em bandejas plásticas desinfetadas com álcool 70% com papel toalha umedecido. Para a formação da câmara úmida, condição adequada para a esporulação do patógeno, as bandejas foram armazenadas em sacos plásticos e mantidas a 18 °C por aproximadamente 24h.

Para a inoculação realizou-se a mistura das suspensões dos diferentes isolados, a qual teve sua concentração ajustada para 10^3 esporângios por mililitro de suspensão por meio de hemacitômetro. Posteriormente, a suspensão da mistura foi armazenada na geladeira por 1h, em temperatura de aproximadamente 4 °C para induzir a liberação de zoósporos.

A inoculação foi realizada ao entardecer, com o auxílio de pulverizador costal manual aos 50 dias após o transplante para o campo. Aplicou-se aproximadamente 20 ml da suspensão por planta, utilizando dosador universal de líquido. Na área experimental foram instalados aspersores, que foram ligados todos os dias ao entardecer, para promover o molhamento foliar.

2.4 Caracterização do ambiente experimental

A partir do dia de inoculação até o último dia de avaliação dos genótipos foram coletados os dados temperatura (T °C) e umidade relativa do ar (UR%) (Figura 2). A

maior temperatura registrada no período foi de 34,4 °C no penúltimo dia de avaliação, 14/10. A temperatura mais baixa foi registrada no dia 06/10 de 12,33 °C. A maior e menor umidade relativa registrada foi de 100 e 45,8%, respectivamente. A maior amplitude de temperatura e umidade foi observado no primeiro dia de inoculação com 20,78 °C e 54,2%.

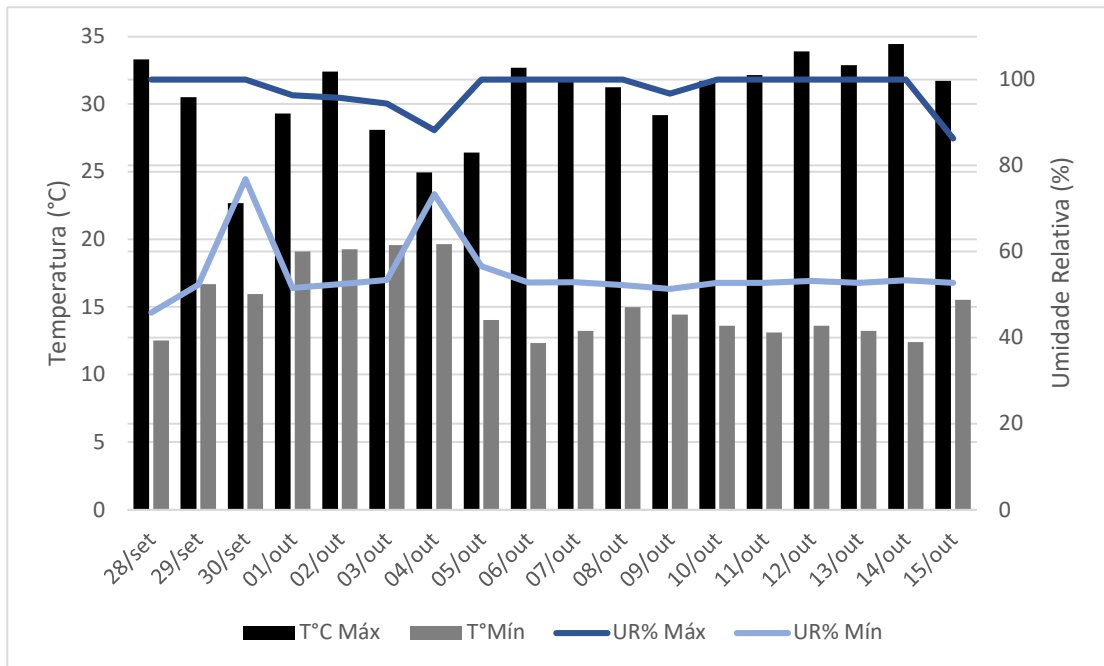


Figure 2: Variação de temperatura e umidade ao longo da avaliação das famílias de tomateiro quanto a resistência a *P. infestans*. Colunas: T °C máx = temperatura máxima; T °C mín = temperatura mínima. Linhas: UR% máx = umidade relativa máxima; UR% mín = umidade relativa mínima.

2.5 Avaliação da severidade da requeima

No campo, foram atribuídas notas às folhas de cada planta, conforme escala diagramática (Figura 3) proposta por Corrêa et al. (2009). Notas de severidade da doença foram atribuídas individualmente em cada folha das plantas a cada três dias, por 18 dias, totalizando 6 avaliações.

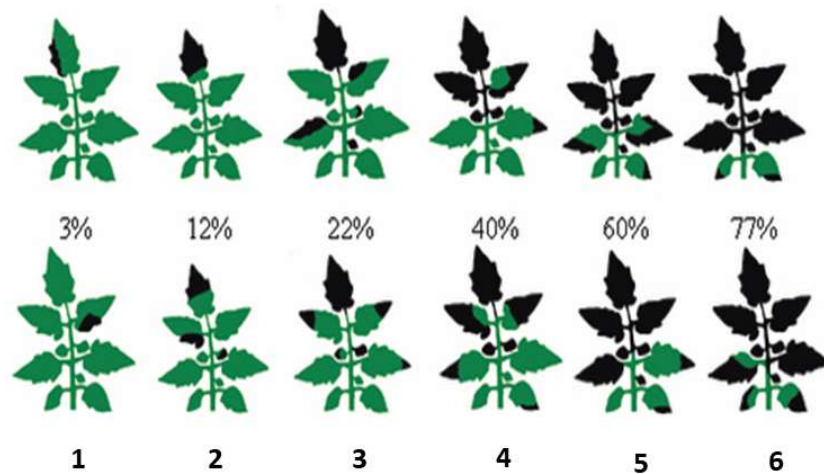


Figure 3: Escala de classificação de severidade da doença, sugerida por Corrêa et al. (2009).

As notas foram utilizadas para determinar a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD). Conforme estimador dado pela seguinte expressão:

$$AACPD = \sum_{i=1}^{n-1} \left\{ \left[\left(\frac{y_i + y_{i+1}}{2} \right) \right] * [t_{i+1} + t_i] \right\}$$

Em que:

y_i e y_{i+1} : porcentagem de área foliar lesionada observada na avaliação i e na seguinte $i + 1$;

t_i e t_{i+1} : intervalo de tempo entre as avaliações;

n : número de avaliações.

2.6 Análise estatística

Nove modelos estatísticos foram ajustados, a fim de determinar o mais adequado para a predição dos valores genotípicos das famílias de tomateiro resistentes à requeima. O modelo linear misto tradicional para análise com testemunhas intercalares [1] e os modelos lineares mistos espaciais [2,3,4,5,6,7,8,9] podem ser escritos como:

$$y = Xb + Zg + e \quad [1]$$

$$y = Xb + Zg + \xi \quad [2]$$

$$y = Xb + Zg + \xi + \eta \quad [3]$$

$$y = Xb + Zg + Sc + \xi \quad [4]$$

$$y = Xb + Zg + Sl + \xi \quad [5]$$

$$y = Xb + Zg + Sl + \xi + \eta \quad [6]$$

$$y = Xb + Zg + Sc + \xi + \eta \quad [7]$$

$$y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi \quad [8]$$

$$y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi + \eta \quad [9]$$

Sendo, y o vetor de dados fenotípicos arranjados em linha e colunas; b o vetor de efeitos fixos (média geral) com a matriz de incidência X ; g o vetor de efeitos aleatórios de genótipos com matriz de incidência Z , $g \sim N(0, I\sigma_g^2)$, onde σ_g^2 é a variância genotípica; e e é um vetor aleatório de resíduos independentes, $e \sim N(0, \sigma_e^2)$, onde σ_e^2 é a variância residual.

Os termos Sc e Sl incluem a parte aleatória de *splines* cúbicas indexadas a posição de coluna e linha, respectivamente. Estes dois termos representam tendências globais nas colunas e linhas, respectivamente. $c \sim N(0, I\sigma_{spl\ col}^2)$, em que $\sigma_{spl\ col}^2$ é a variância nas colunas e $l \sim N(0, I\sigma_{spl\ lin}^2)$ em que $\sigma_{spl\ lin}^2$ é a variância nas linhas.

ξ é um vetor de erro aleatório espacialmente dependente nas colunas e linhas. $\xi \sim N(0, R)$, a matriz $R = \sigma_\xi^2 [AR1(\rho_c) \otimes AR1(\rho_l)]$, \otimes representa o produto de Kronecker de processos autoregressivos separáveis bidimensional de primeira ordem e σ_ξ^2 é a variância do resíduo espacialmente dependente.

η é um vetor aleatório de erros independentes. Esse termo também é chamado de efeito nugget, representa o erro de mensuração de cada parcela ou ainda tendência local. $\eta \sim N(0, I\sigma_\eta^2)$, em que σ_η^2 é a variância do erro independente.

Para cada modelo ajustado foram estimadas as médias BLUP (Best Linear Unbiased Prediction) para cada uma das 200 famílias avaliadas.

2.7 Escolha do modelo de melhor ajuste

A seleção do modelo mais adequado foi baseada nos cálculos dos indicadores de qualidade dos modelos, expressos por:

- **Variância residual ($\hat{\sigma}_{ei}^2$):**

$$\hat{\sigma}_e^2 = \frac{y'P_i y}{n - r(X)}$$

Em que:

y : vetor de observações;

P_i : $V^{-1} - V^{-1}X(X'V^{-1}X)^{-1}X'V^{-1}$: matriz de projeção ortogonal aleatória das observações (y) no espaço coluna da matriz x para o modelo i ;

X : matriz de incidência dos efeitos fixos;

V : $R + ZGZ$;

Z : variância genotípica;

G : matriz de variância – covariância dos efeitos aleatórios;

R : matriz de variância – covariância dos erros aleatórios;

$r(X)$: rank da matriz de incidência dos efeitos fixos;

n : número de observações.

- **Acurácia (\hat{r}_{gg}):**

$$\hat{r}_{gg} = \sqrt{1 - \frac{PEV}{\sigma_g^2}}$$

Em que:

PEV : variância do erro de predição;

σ_g^2 : componente de variância genotípica.

- **Cr terios de Informa  o de Akaike (AIC)** (Akaike, 1974):

$$AIC = -2\log(Lp) + 2p$$

Em que:

Lp : valor que torna m xima a fun  o de m xima verossimilhan a do modelo estimado;
 p : n mero de par metros do modelo.

- **Cr terio de Informa  o Bayesiano (BIC)** (Schwarz, 1978):

$$BIC = -2\log(Lp) + p\log [n - r(X)]$$

Em que:

$n - r(x)$: graus de liberdade do res duo;
 $r(X)$: rank da matriz de incid ncia dos efeitos fixos
 n : n mero de observa  es.

- **Teste da raz o de verossimilhan a (LRT)**

$$LRT = 2 \text{LogREML}_i - 2 \text{LogREML}_j$$

Em que:

LogREML_i = logaritmo da fun  o de m xima verossimilhan a para o modelo completo
 i;

LogREML_j = logaritmo da fun  o de m xima verossimilhan a para o modelo reduzido
 j.

A estimativa LRT foi comparada com o valor do qui-quadrado tabelado, com d graus de liberdade e n vel de signific ncia de 5%, em que d   a diferen a entre o n mero de par metros estimados pelos modelos completo e reduzido.

Foi considerado como melhor modelo aquele que apresentou os menores valores de AIB, BIC e $\hat{\sigma}_e^2$, maior valor de $\hat{r}_{\hat{g}g}$ e valores significativos, pelo teste LRT, dos parâmetros contidos no modelo.

Além dessas variáveis, também foram calculados:

- **Correlação de Spearman**

$$\rho = \frac{6 \sum_{i=1}^n d_i^2}{n^3 - n}$$

Em que:

n : é o número de pares (x_i, y_i);

d_i^2 : (postos de x_i dentre os valores de x) - (postos de y_i dentre os valores de y).

- **Ganho de Seleção**

$$GS\% = 100 \left[\frac{X_s - X_0}{X_0} \right]$$

Em que:

X_0 : Média dos BLUPs das famílias do modelo selecionado;

X_s : Média dos BLUPs das famílias selecionadas, considerando seleção de 10 e 20%.

- **Eficiência da seleção**

Para a avaliação da eficiência de seleção calculou-se o índice de coincidência simples entre os modelos, o qual considera a proporção de famílias selecionadas por cada modelo ajustado, e que são coincidentes com as famílias selecionadas do modelo tomado como padrão (modelo selecionado). A seleção foi realizada considerando 10 e 20% das famílias com as menores notas de severidade da doença.

2.8 Variograma

O variograma é um gráfico de diagnóstico para examinar a dependência espacial. Por padrão, o ASReml produz uma exibição de variograma para resíduos espacialmente dependentes. Os variogramas de dados bidimensionais regulares ou irregulares foram produzidos de acordo com Stefanaova et al. (2009).

2.9 Software

O índice de coincidência simples entre os modelos usados para estimar a eficiência da seleção foi calculado por meio do software Genes (Cruz, 2016). As demais análises estatísticas foram realizadas com o pacote ASReml 4.1 (Gilmour et al., 2015) disponível no software R (R Core Team, 2020).

3. RESULTADOS

Os nove modelos utilizados no estudo encontram-se na tabela 3, seguidos dos critérios de ajuste. Como esperado, a utilização da estrutura de erro espacial contribuiu para a redução de erros experimentais. Utilizando a análise de testemunha intercalar como referencial, o modelo 2 (Mod 2), primeiro modelo com o erro do tipo AR1 x AR1, aumentou o valor de LogREML em 83,61 unidades.

Tabela 1: Modelos utilizados seguidos pelos critérios de escolha de modelos de Akaike (AIC) e Schwarz (BIC) e significância dos parâmetros dos modelos (LRT).

Modelos	Nº de parâmetros	AIC	BIC	LogREML	LRT ⁺				
					$\hat{\sigma}_g^2$	$\hat{\sigma}_{spl\ lin}^2$	$\hat{\sigma}_{spl\ col}^2$	$\hat{\sigma}_\eta^2$	$\hat{\sigma}_\xi^2$
Mod 1	2	5215,24	5217,12	-2605,62	-	-	-	-	-
Mod 2	4	5052,02	5055,77	-2522,01	74,67**	-	-	-	167,23**
Mod 3	5	5047,78	5052,48	-2518,89	13,50**	-	-	6,23*	178,18**
Mod 4	5	5051,46	5056,15	-2520,73	39,53**	-	2,56 ^{ns}	-	150,50**
Mod 5	5	5046,40	5051,10	-2518,2	80,51**	7,61**	-	-	144,05**
Mod 6	6	5043,95	5049,58	-2515,97	7,37**	5,84*	-	4,46	155,07**
Mod 7	6	5049,13	5054,77	-2518,57	14,15**	-	0,65 ^{ns}	4,33 ^{ns}	164,92**
Mod 8	6	5045,05	5050,68	-2516,52	37,68**	8,41**	3,36 ^{ns}	-	125,48**
Mod 9	7	5044,63	5051,20	-2515,31	8,70**	6,51*	1,32 ^{ns}	2,42 ^{ns}	141,28**

* LRT = Teste de razão de verossimilhança, usando o teste qui-quadrado com um grau de liberdade, ** significativo a 1 e 5 %, respectivamente, pelo teste qui-quadrado; ^{ns} não significativo. variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), variância de spline na linha ($\hat{\sigma}_{spl\ lin}^2$), variância de spline na coluna ($\hat{\sigma}_{spl\ col}^2$), variância devida a tendência ($\hat{\sigma}_\xi^2$) variância dos resíduos não correlacionado ($\hat{\sigma}_\eta^2$). Mod 1: $y = Xb + Zg + e$; Mod 2: $y = Xb + Zg + \xi$; Mod 3: $y = Xb + Zg + \xi + \eta$; Mod 4: $y = Xb + Zg + Sc + \xi$; Mod 5: $y = Xb + Zg + Sl + \xi$; Mod 6: $y = Xb + Zg + Sl + \xi + \eta$; Mod 7: $y = Xb + Zg + Sc + \xi + \eta$; Mod 8: $y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi$; Mod 9: $y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi + \eta$.

O modelo 1, modelo tradicional utilizado em experimentos com testemunhas intercalares, apresentou os maiores valores AIC e BIC em comparação aos valores dos demais modelos. Dentre os modelos com estrutura espacial de erros observaram-se, em ordem crescente, menores valores de AIC para os modelos 6, 9, 8, 5, 3, 7, 4 e 2. Considerando o critério BIC os modelos com menores valores foram: 6, 8, 5, 9, 3, 7, 2 e 4. A significância dos componentes de variância foi verificada utilizando o LRT (Tabela 1). O contraste entre os modelos 2 vs 1 foi significativo, o que confirma a superioridade do modelo espacial em relação ao modelo referencial de testemunha intercalar.

Comparando os modelos 9 vs 8 foi possível testar se o erro de mensuração (η) contribui para a melhoria dos resultados. O resultado do teste foi o de não significância do parâmetro, o qual pode ser retirado do modelo por não contribuir, juntamente com

os outros parâmetros, para a melhoria dos resultados. O contraste entre o modelo 8 com os modelos 5 e 4 testou a importância da utilização da função $Sp(col)$ e $Sp(lin)$, respectivamente. O teste entre os modelos 8 vs 5 foi não significativo, e entre 8 vs 4 foi significativo. Esses resultados demonstram que a função $Sp(lin)$ deve permanecer no modelo. Ademais, a significância do teste entre os modelos 8 vs 4 também mostra que a utilização das funções $Sp(lin)$ deve ser utilizada em conjunto com a $Sp(col)$ para se obter melhores resultados.

Verificou-se aumentos das estimativas da variância genética entre as famílias com a utilização dos modelos lineares mistos espaciais. A utilização deste tipo de análise aumentou a eficiência no modelo tradicional de testemunhas intercalares de 1,00 para 1,19 nos modelos lineares mistos espaciais 4 e 8 (Tabela 2). A variância de *spline* na linha foi grande em todos os modelos, quando comparado com a variância de *spline* na coluna. Considerando o teste de LRT, a variância de *spline* na coluna foi baixa e não significativa.

Os coeficientes de autocorrelação residual foram todos positivos nas linhas e coluna, porém maiores valores foram observados nas linhas. O modelo 8, apresentou menores valores do coeficiente de autocorrelação residual na linha e na coluna, o que sugere menor variação externa nesse modelo. Maiores valores de acurácia foram encontrados nos modelos 4, 5 e 8. Os modelos que apresentam as menores e maiores estimativas de variância fenotípica foram 3, 4, 7 e 5, 6, 8, 9, respectivamente. Os menores valores da variância dos resíduos não correlacionado foram observados nos modelos 3, 6, 9 e 7.

Tabela 2: Estimativas dos parâmetros variância genotípica ($\hat{\sigma}_g^2$), variância de spline na linha ($\hat{\sigma}_{spl\ lin}^2$), variância de spline na coluna ($\hat{\sigma}_{spl\ col}^2$), variância residual (σ_e^2), variância devida a tendência ($\hat{\sigma}_\xi^2$) variância dos resíduos não correlacionado ($\hat{\sigma}_\eta^2$), coeficientes de autocorrelação residual nas colunas (ρ_c) e linhas (ρ_l), variância fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$), acurácia média ($r_{\hat{g}g}$) e eficiência da análise espacial.

Efeitos	Modelos								
	Mod1	Mod2	Mod3	Mod4	Mod5	Mod6	Mod7	Mod8	Mod9
$\hat{\sigma}_g^2$	18,54	19,25	16,47	20,03	19,22	16,69	17,37	20,06	18,05
$\hat{\sigma}_{spl\ lin}^2$	-	-	-	-	12,61	13,63		13,26	13,56
$\hat{\sigma}_{spl\ col}^2$	-	-	-	1,00	-	-	0,65	1,09	0,83
σ_e^2	132,99	-	-	-	-	-	-	-	-
$\hat{\sigma}_\eta^2$	-	-	48,29	-	-	47,27	43,66	-	38,32
$\hat{\sigma}_\xi^2$	-	130,85	85,61	127,98	125,39	80,72	87,56	122,07	86,07
ρ_l	-	0,44	0,66	0,43	0,42	0,64	0,63	0,40	0,58
ρ_c	-	0,10	0,23	0,10	0,08	0,16	0,20	0,07	0,13
$\hat{\sigma}_f^2$	151,53	150,64	151,25	149,53	157,73	159,13	150,07	156,95	157,52
$r_{\hat{g}g}$	0,35	0,41	0,39	0,42	0,42	0,39	0,40	0,42	0,40
Eficiência da análise espacial	1,00	1,17	1,11	1,19	1,19	1,11	1,15	1,19	1,15

Na figura 4 encontram-se as representações gráficas das tendências dos resíduos dos principais modelos ajustados. O modelo 2, representado pela figura 2A, apresenta a representação gráfica dos resíduos do primeiro modelo considerando estrutura espacial de erros dependentes, nas linhas e coluna do experimento. Existe maior tendência crescente dos resíduos no sentido das linhas, o que indica a possível necessidade de um componente adicional para se ajustar efeitos de linhas.

A adição do componente cúbico nas colunas do modelo 4 (Figura 4B) não contribuiu para suavizar os erros nas colunas, concordando com a não significância deste parâmetro dado pelo LRT. Por outro lado, a adição da função *spline* para explicar a variação global nas linhas, como representado no modelo 5 (Figura 4C), melhorou o ajuste, o que acarretou na suavização dos resíduos. Esta suavização é possível ser visualizada na redução do platô dos variogramas que é de 250 para os

modelos 2 e 4 (modelos sem *spline* nas linhas) e passa para 200 nos modelos 5 e 8 (modelos com *spline* nas linhas). A utilização da função *spline* na linha e na coluna em conjunto do modelo 8 (Figura 4D) proporcionou os menores erros, indicando ser o modelo mais adequado para análise dos dados.

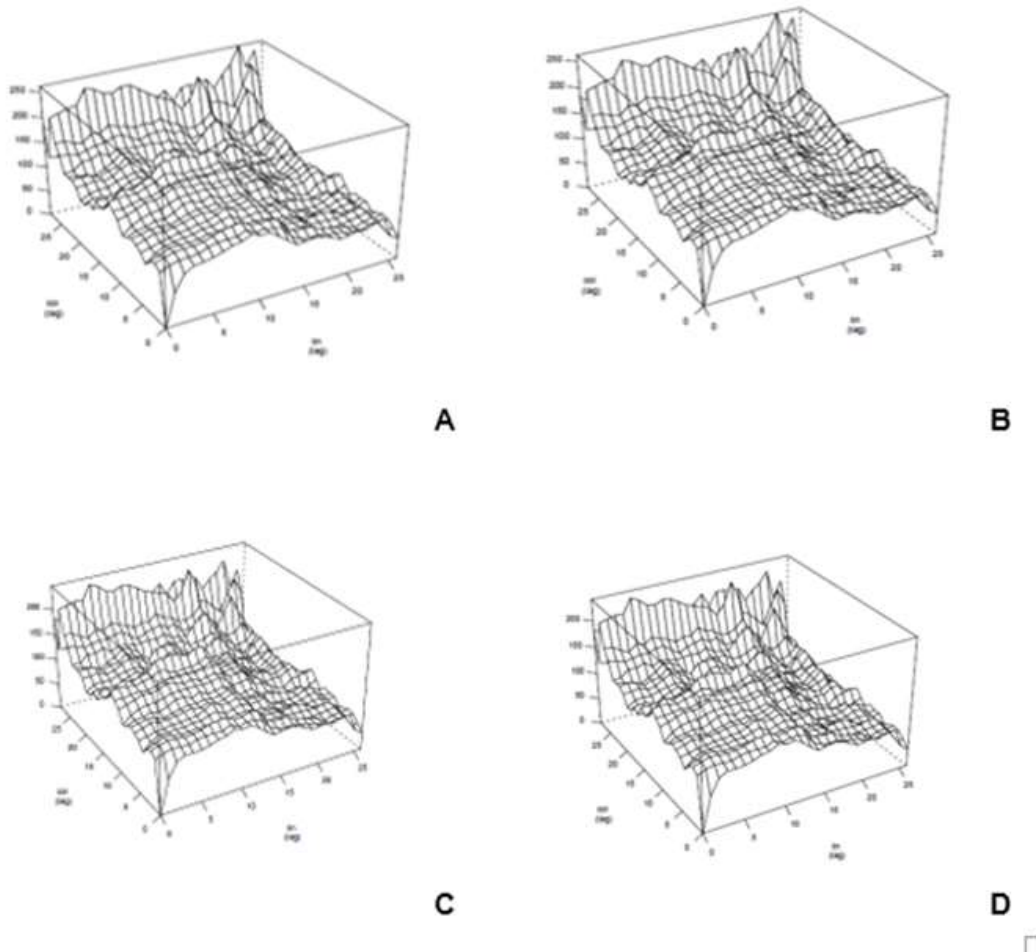


Figure 4: Variograma de quatro modelos ajustados aos dados de AACPD no tomateiro, A- Modelo 2: $y = Xb + Zg + \xi$; B- Modelo 4: $y = Xb + Zg + Sc + \xi$; C- Modelo 5: $y = Xb + Zg + Sl + \xi$; D- Modelo 8: $y = Xb + Zg + Sc + Sl + \xi$.

Maiores ganhos com a seleção foram obtidos utilizando os modelos espaciais, sendo os modelos 8 e 5 os que apresentaram os maiores ganhos com 10% e 20% das famílias selecionadas (Tabela 3). O modelo 1, apesar de também proporcionar ganhos com a seleção, é o pior modelo para ser utilizado. Foi observado ganho com a seleção para todos os modelos avaliados. O modelo 8 e 1 apresentaram as maiores e menores porcentagens de ganhos, respectivamente.

Tabela 3: Coeficientes de correlação de Spearman, eficiência de seleção (%) entre as médias estimadas no modelo oito e os demais métodos e ganho com a seleção (GS) considerando 10 e 20 % de indivíduos selecionados.

Modelos	Correlação de Spearman	Eficiência de seleção (%)		GS (%)	
		10	20	10	20
Mod 8	-	-	-	80,33	70,73
Mod 1	0,783	35,00	50,00	78,24	68,96
Mod 2	0,991	90,00	90,83	80,83	70,63
Mod 3	0,980	80,00	87,50	78,83	69,76
Mod 4	0,992	93,33	90,83	80,29	70,74
Mod 5	0,998	95,00	95,83	80,05	70,59
Mod 6	0,987	85,00	90,00	78,94	69,80
Mod 7	0,984	83,33	88,33	79,10	69,94
Mod 9	0,993	90,00	92,50	79,38	70,10

Os coeficientes de correlação classificatória de Spearman (Tabela 3) obtidos foram elevados, com exceção do modelo 1, modelo base do delineamento em testemunhas intercalares. Os coeficientes de correlação para os modelos com estrutura espacial foram similares. A eficiência de seleção foi estimada considerando diferentes intensidades de seleção, a saber: 10% (seleção das 20 famílias inferiores) e 20% (seleção das 40 famílias inferiores). Constata-se, pelos resultados obtidos, que houve uma boa concordância entre os modelos espaciais e que a seleção pelo modelo base de testemunhas intercalares foi pouco eficiente.

4. DISCUSSÃO

A utilização da análise espacial foi mais eficiente que a análise tradicional realizada com testemunhas intercalares, uma vez que possibilitou a identificação de padrões espaciais no campo, reduziu os erros experimentais e aumentou a eficiência na seleção. Ademais, identificou-se um modelo mais apropriado para seleção de famílias de tomateiro resistentes à requeima quando se utiliza delineamentos onde somente as testemunhas se repetem na área experimental.

Os resultados das análises, considerando o ajuste espacial autoregressivo em duas direções (AR1 x AR1), foram superiores à análise sob erros independentes. A aplicação de estatísticas espaciais tem sido amplamente utilizada como alternativa para análise de dados em programas de melhoramento de diversas culturas. Bernardeli et al. (2021) observaram valores genéticos de alta precisão, que por sua vez resultaram em maior ganho com a seleção na cultura da soja, quando foram incluídas tendências espaciais. Campos et al. (2016) demonstraram que considerar as tendências espaciais dentro da área do campo na análise resulta em maior acurácia na estimação dos parâmetros genéticos e maior eficiência na seleção. Além disso, vários outros estudos apontaram a superioridade da análise espacial para atenuar os efeitos ambientais, bem como aumentar a precisão experimental (Costa et al., 2005; Duarte e Vencovsky, 2005; Maia et al., 2013).

A utilização de modelos autoregressivos garante maior precisão experimental por propiciar blocos homogêneos sem variação ambiental entre parcelas dentro deles (Resende et al., 2014), garantindo que a resposta obtida via análise espacial da resistência seja devida principalmente a causas genéticas das famílias de tomateiro avaliadas.

Modelos que consideram a existência de dependência espacial entre parcelas adjacentes tendem a ser mais eficientes para as situações em que há maior variância residual (Casanoves et al, 2005; Duarte and Vencovsky, 2005), como é o caso dos experimentos instalados sob o delineamento em testemunhas intercalares. Esses tipos de experimento são mais afetados pelas variações decorrentes da umidade, fertilidade do solo, interceptação de luz, entre outros. Nessas situações, a expressão do genótipo pode ser decorrente da condição ambiental onde a parcela se encontra, uma vez que essa parcela não é repetida na área experimental.

Dessa forma, é possível reduzir o erro experimental e aumentar a eficiência e acurácia dos resultados ao considerar que as parcelas experimentais são desiguais, sendo as mais próximas mais correlacionadas que as mais distantes. Ademais, resultados obtidos por Payne (2006), demonstram que as tendências de campo em ensaios sem repetição, como no caso das testemunhas intercalares, podem ser bem estimadas e controladas com o uso de modelos de análise espacial.

O aumento dos valores do LogREML mostra a superioridade dos modelos espaciais para estimar os parâmetros de variância. Dessa forma, os modelos espaciais que assumem estrutura de erros autoregressivos (AR1 x AR1) foram mais

eficientes para explicar os dados, além de serem modelos com melhor ajuste. Em experimentos na cultura do trigo também foram observados aumentos nas estimativas do LogREML em 132 unidades na comparação de modelos em blocos completos e com estrutura espacial (Gilmour et al., 1997), indicando que os modelos espaciais são mais eficientes mesmo quando os experimentos são instalados em blocos completos. Segundo Maia et al. (2013) a adoção de modelos que consideram a dependência espacial entre as parcelas adjacentes pode trazer ganhos nos programas de melhoramento, principalmente, quando os blocos do experimento não forem devidamente alocados, ou quando não é possível a utilização de blocos completos.

Ao verificar os valores para o critério de informação de Akaike (AIC) e para o critério de informação Bayesiano (BIC), pode-se observar que há tendência de os modelos espaciais serem iguais, com pequenas diferenças nos valores, favorecendo os modelos com tendências espaciais. Dessa forma, apesar de apresentarem alta eficiência para seleção, faz-se necessário a utilização de outros critérios para aprimorar a seleção do melhor modelo. Fato esse semelhante ao observado na cultura da laranja por Maia et al. (2013) ao utilizarem o AIC como critério para seleção de modelo. Apesar disso, esses critérios são amplamente utilizados, com eficácia, para seleção de modelos em diferentes culturas, como na soja (Duarte and Vencovsky, 1991), do eucalipto (Oda-Souza et al., 2008), do alho (Puiatti et al., 2013), do café (Wyzykowski et al., 2015), da beterraba (Richter et al., 2015) e do tomate (Ramos et al., 2019).

Critérios como o AIC e BIC são utilizados na escolha de modelos, uma vez que penalizam a verossimilhança residual conforme o número de parâmetros do modelo. Desta forma, o modelo escolhido será o mais parcimonioso, o qual tende a exibir estrutura mais simples (Müller et al., 2013; Resende et al., 2014; Corrales et al., 2015). No entanto, a utilização dos critérios de AIC e BIC são potencialmente mais precisos quando se utiliza o teste de LRT, uma vez que a inferência é baseada em probabilidade (Resende et al., 2014). O teste de LRT possibilitou testar a significância dos parâmetros adicionados nos modelos estudados.

A significância dos testes entre os modelos indica que o efeito do parâmetro adicional do modelo completo é significativo, assim o modelo completo explica melhor a característica (Resende et al., 2014). A não significância do teste de LRT para os modelos 9 vs 8 indicou a inexistência de erros do tipo independentes e sim erros dependentes devido às tendências globais.

Os testes entre os modelos 8 vs 5 e 8 vs 4 evidenciou a necessidade da utilização da função *spline* na linha em conjunto com a função *spline* na coluna para aumentar a eficiência do modelo. Uma *spline* cúbica é uma curva suavizada sobre um intervalo formando uma ligação de segmentos polinomiais cúbicos (Resende et al., 2014). Dessa forma, esse tipo de função permite identificar se os efeitos são realmente lineares ou se seguem outro tipo de distribuição.

Para obtenção de melhores resultados, nas análises espaciais, é muito importante a separação das tendências globais, por meio da adaptação de polinômios ou *splines* de suavização cúbica das tendências locais (Gilmour et al., 1997). Esse tipo de avaliação possui maior eficiência quando ocorre esquematização das parcelas em linhas e colunas, sendo assim, uma estratégia que garante a captura de tendências em duas direções. Dessa forma, é possível a utilização da modelagem espacial de estruturas de erro, os quais, geralmente, não são percebidos no estágio de projeto (Sarker and Singh, 2015). Basford et al. (1996) concluiu que para obter melhores resultados na escolha do melhor modelo é necessário combinar informações da esquematização das parcelas e que suaviza as tendências espaciais. Federer (1998) também enfatizou a importância de combinar a análise espacial com os resultados experimentais das análises em blocos na busca pelo melhor modelo.

Foi observado a redução na estimativa da variância residual e aumento da variância genética com a utilização dos modelos com estrutura de erros espaciais. Fato este explicado pela redistribuição da variação residual, na variância genética, variação na linha e na coluna. Altos valores de variação residual para características epidemiológicas podem ser devido à dificuldade de se obter homogeneidade nos graus atribuídos aos tratamentos e as diferentes taxas de progresso da doença nas famílias (Elsayed et al., 2011; Nick et al., 2014). Dessa forma, esses resultados confirmam a superioridade da análise espacial em detrimento as análises convencionais utilizadas para seleção de genótipos resistentes a requeima.

Por outro lado, as características epidemiológicas também são muito afetadas pelas condições climáticas. Como no caso da requeima, que a ocorrência e severidade da requeima no campo é muito dependente do clima. As condições climáticas ideais para desenvolver infecções severas de requeima no tomateiro são faixas extensas de temperatura amenas, entre 15 e 25 °C e condições de alta umidade relativa (Foolad et al., 2008; Akhtar et al., 2016). As condições climáticas do período no qual foi realizado as avaliações não favoreceu o desenvolvimento da doença. Ao

longo dos dias houve grandes variações nas temperaturas, mas nos períodos noturnos ocorreram a associação entre temperaturas amenas e alta umidade relativa. Para contornar as condições adversas no período de inoculação e avaliação, utilizou-se de irrigações por aspersão periódicas ajudou a proporcionar condições mais adequadas para o progresso da doença.

As estimativas dos coeficientes de autocorrelação residual nas colunas e linhas foram positivas e inferiores a 0,6; com exceção da autocorrelação residual da linha do modelo 3. Valores baixos de autocorrelação podem ser explicados pela distribuição da doença sem padrão definido na área, concordando com Resende and Sturion (2003). Esses autores relataram que coeficientes de autocorrelação altos ($> 0,60$) podem indicar padrões de resíduos espaciais ou variabilidade espacial em gradientes ou em manchas. Por outro lado, coeficientes de autocorrelação baixos indicam variabilidade espacial aleatória ou sem padrão definido.

A plotagem das tendências residuais nas linhas e nas colunas do experimento mostrou maior variação por fontes externas nas últimas linhas do experimento, uma vez que houve maior distância espacial entre elas e maior correlação entre as parcelas dessa área. A distribuição não homogênea do sistema de irrigação por microaspersão nas últimas linhas do experimento pode explicar o maior desenvolvimento das plantas e do patógeno nessa região do experimento, o que pode ter sido responsável pela tendência espacial encontrada. Segundo Gilmour et al. (1997) os variogramas podem auxiliar na identificação das tendências no campo experimental. Dessa forma, é possível acrescentar parâmetros nos modelos a fim de obter melhores resultados nas análises. A utilização da *spline* na linha contribuiu efetivamente para captar essa variação por fontes externas, levando a suavização dos resíduos como mostrado na figura 2.

Os modelos com estruturas espaciais aumentaram o ganho com a seleção das famílias. O que já era de esperar, uma vez que a dependência espacial favorece a seleção de progênies suscetíveis em detrimento de progênies resistentes quando estas estão dispostas lado a lado (Reis and Filho, 2003). Além disso, segundo Es and Es (1993) esse fato decorre do aumento da probabilidade dos erros tipo I e tipo II sob correlação espacial significativa. Dessa forma, a seleção por modelos que assumem erros independentes implica em menor ganho por ciclo de seleção e, conseqüentemente, atrasos nos programas de melhoramento genético pela recombinação de famílias inferiores.

O ordenamento das famílias não foi idêntico entre os modelos, o que pode ser observado pelas diferenças na eficiência de seleção dos modelos avaliados. O pior ordenamento do Modelo 1 pode ser decorrente ao fato das médias das famílias no delineamento em testemunhas intercalares serem estimadas a partir de uma única parcela experimental, sem a correção espacial, o que afeta o erro-padrão das médias das famílias, e, conseqüentemente, sua classificação. Na cultura da soja, com uma intensidade de seleção de 25% houve apenas 46% de coincidência entre os genótipos selecionados quando utilizado modelos espacial e não espacial (Duarte and Vencovsky, 1991). Dessa forma, para esse estudo, o modelo que não utiliza estrutura espacial é menos indicado como método seletivo. Ademais, as estimativas do coeficiente de correlação de Spearman entre o melhor modelo espacial e o modelo base de testemunha intercalar foi o mais discrepante, o que indica baixa correlação na classificação das famílias por esses dois modelos.

5. CONCLUSÕES

Foi possível identificar padrões espaciais dentro do campo experimental, cujo efeito foi minimizado por meio de modelagem espacial. A abordagem de análise espacial diminuiu o erro experimental e aumentou a precisão da seleção. O modelo 8 foi mais eficiente, uma vez que proporcionou maior ganho de seleção comparando com os demais modelos. Esses achados apontam que em situações onde são utilizados desenhos experimentais sem repetições, quando as condições ambientais em toda a área experimental não são homogêneas a exploração de abordagens, como a modelagem espacial proporciona maiores ganhos de seleção.

3. REFERÊNCIAS

- Akaike, H. 1974. A new look at the statistical model identification. *IEEE Transactions on Automatic Control* 19(6): 716–723. doi: 10.1109/TAC.1974.1100705.
- Akhtar, K.P., Saleem, M.Y., Iqbal, Q., Asghar, M., Hameed, A., and Sarwar, N. 2016. Evaluation of tomato genotypes for late blight resistance using low tunnel assay. *98 (3)*, 421-428. doi: <http://dx.doi.org/10.4454/JPP.V98I3.002>
- Alvarenga, M. 2013. *Tomate: Produção em campo, casa de vegetação e hidroponia*. Editora Un. 2 ed, Lavras.
- Basford, K.E., Williams, E.R., Cullis, B.R., and Gilmour, A. 1996. Experimental design and analysis for variety trials. In: M, C. and GL, H., editors, *Plant adaptation and crop improvement*. CAB Int, Wallingford, UK. p. 125–138
- Campos, J.F., Carneiro, A.P.S., Peternelli, L.A., Carneiro, J.E.S., Silva, M.J. and Cecon, P.R. 2016. Classificação de famílias do feijoeiro sob diferentes cenários de dependência espacial e precisão experimental. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 51(2): 105–111. doi: 10.1590/S0100-204X2016000200002.
- Candido, L.S., Perecin, D., Landell, A.M.G., and Pavan, B.E. 2009. Análise de vizinhança na avaliação de genótipos de cana-de-açúcar. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 44(10): 1304–1311. doi: 10.1590/s0100-204x2009001000014.
- Casanoves, F., Macchiavelli, R., and Balzarini, M. 2005. Error variation in multienvironment peanut trials: Within-trial spatial correlation and between-trial heterogeneity. *Crop Science* 45(5): 1927–1933. doi: 10.2135/cropsci2004.0547.
- Corrales, J.D., Munilla, S. and Cantet, R.J.C. 2015. Polynomial order selection in random regression models via penalizing adaptively the likelihood. *Journal of Animal Breeding and Genetics* 132(4): 281–288. doi: 10.1111/jbg.12130.
- Corrêa, F.M., Bueno Filho, J.S.S., and Carmo, M.G.F. 2009. Comparison of three diagrammatic keys for the quantification of late blight in tomato leaves. *Plant Pathology* 58(6): 1028–1033. doi: 10.1111/j.1365-3059.2009.02140.x.
- Costa, J.R., Bueno Filho, J.S.S., and Ramalho, M.A.P. 2005. Análise espacial e de vizinhança no melhoramento genético de plantas. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 40(11): 1073–1079. doi: 10.1590/s0100-204x2005001100004.
- Cruz, C.D. 2016. Programa Genes – Ampliado e integrado aos aplicativos R, Matlab e Selegen. *Acta Sci. - Agron.* 38(4): 547–552. doi: 10.4025/actasciagron.v38i4.32629.

- Duarte, J.B., and Vencovsky, R. 2005. Spatial statistical analysis and selection of genotypes in plant breeding. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 40(2): 107–114. doi: 10.1590/s0100-204x2005000200002.
- Duarte, J.B., and Vencovsky, R. 1991. Spatial statistical analyses and selection of genotypes in plant breeding.pdf. *Pesquisa Agropecuária Brasileira* 40(2): 107:114. doi: 10.1590/S0100-204X2005000200002.
- Duarte, H., Zambolim, L., and Waldir, W. 2007. ARTIGOS Manejo da requeima do tomateiro industrial empregando sistema de previsão. *Summa Phytopathol* 33(4): 328–334.
- Elsayed, A., Silva, D. Mizubuti, E., and Carneito, C. 2011. Combing the monogenic and polygenic resistant genes to late blight in tomato. *Journal of Plant Breeding and Crop Science* 3(10): 251–259. <http://www.academicjournals.org/JPBCS> (accessed 3 December 2018).
- Es, V.H.M., and Es, V.C.L. 1993. Spatial Nature of Randomization and Its Effect on the Outcome of Field Experiments. *Agronomy Journal* 85(2): 420. doi: 10.2134/agronj1993.00021962008500020046x.
- Faleiro, F.G., Cruz, C.D., Castro, C., Moreira, M.A. and Barros, E.G. 2002. Comparação de blocos casualizados e testemunhas intercalares na estimação de parâmetros genéticos em feijoeiro. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 37(12): 1675–1680. doi: 10.1590/S0100-204X2002001200001.
- Federer, W.T. 1998. Recovery of Interblock, Intergradient, and Intervariety Information in Incomplete Block and Lattice Rectangle Designed Experiments. *Biometrics* 54(2): 471. doi: 10.2307/3109756.
- Foolad, M., Merk, H., and Ashrafi, H. 2008. Genetics, genomics and breeding of late blight and early blight resistance in tomato. *Critical Reviews in Plant Sciences* 27: 75–107. doi: 10.1080/07352680802147353.
- Gilmour, A.R., Cullis, B.R. and Verbyla, A.P. 1997. Accounting for Natural and Extraneous Variation in the Analysis of Field Experiments. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics* 2(3): 269. doi: 10.2307/1400446.
- Gilmour, A.R., Gogel, B.J., and Welham, S.J. 2015. *ASReml User Guide Structural Specification*.
- Humza, M, Iqbal, B., Nasir, M., Atiq, M., Rana, M.F., Rasheed, A., Nawaz, S., and Tanveer, Z. 2017. In Vivo Evaluation of Fungicides for the Management of Late Blight of Tomato. *Journal of Plant Pathology & Microbiology* 08(02): 8–10. doi:

- 10.4172/2157-7471.1000400.
- Jia, M., and Foolad, M.R. 2019. Genetic analysis of late blight resistance in a new RIL population of tomato derived from LB-resistant *Solanum pimpinellifolium* accession PI 270443 (P. Wehling, editor). *Plant Breeding*: pbr.12791. doi: 10.1111/pbr.12791.
- Lemos, R., and Santos, R. 1996. Manual de descrição e coleta de solo no campo Sociedade Brasileira de Ciência do Solo. 3ª. Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - Centro Nacional de Pesquisa de Solos, Campinas-SP.
- Maia, E., de Siqueira, D.L., de Carvalho, S.A., Peternelli, L.A., and Latado, R.R. 2013. Aplicação da análise espacial na avaliação de experimentos de seleção de clones de laranjeira {Pêra}. *Ciência Rural* 43(1): 8–14. doi: 10.1590/S0103-84782012005000134.
- Müller, S., Scaely, J.L., and Welsh, A.H. 2013. Model Selection in Linear Mixed Models. *Statistical Science* 28(2): 135–167. doi: 10.1214/12-sts410.
- Nick, C., Aguilera, J.G., Laurindo, B.S., Almeida, V.D.S., De Freitas, R.D. Cruz, C.D., and Silva, D.J.H. 2014. Genetic Parameters and Correlation between Tomato Late Blight Field Resistance and Fruit Quality. *American Journal of Plant Sciences* 05(15): 2418–2425. doi: 10.4236/ajps.2014.515255.
- Nowicki, M., Foolad, M.M.R. Nowakowska, M., and Kozik, E.U.E. 2012. Potato and tomato late blight caused by *Phytophthora infestans*: An overview of pathology and resistance breeding. *Plant Disease* 96(1): 4–17. doi: 10.1094/PDIS-05-11-0458.
- Oda-Souza, M., Barbin, D., Ribeiro Júnior, P.J., and Stape, J.L. 2008. Aplicação de métodos geoestatísticos para identificação de dependência espacial na análise de dados de um ensaio de espaçamento florestal em delineamento sistemático tipo leque. *Revista Árvore* 32(3): 499–509. doi: 10.1590/s0100-67622008000300011.
- Payne, R.W. 2006. New and traditional methods for the analysis of unreplicated experiments. *Crop Science* 46: 2476-2481. doi: 10.2135/cropsci2006.04.0273.
- Puiatti, G.A., Cecon, P.R., Nascimento, M., Puiatti, M., Finger, F.L., Silva, A.r., and Nascimento, A.C.C. 2013. Análise de agrupamento em seleção de modelos de regressão não lineares para descrever o acúmulo de matéria seca em plantas de alho. *Revista Brasileira de Biometria* 31(3): 337–351.

- R Core Team. (2020). R: A language and environment for statistical computing (Version 3.5.2, Vienna, Austria: R Foundation for Statistical Computing.
- Ramos, R.S., Kumar, L., Shabani, F., and Picanço, M.C. 2019. Risk of spread of tomato yellow leaf curl virus (TYLCV) in tomato crops under various climate change scenarios. *Agricultural Systems* 173: 524–535. doi: 10.1016/j.agsy.2019.03.020.
- Reis, A.J.S., and Miranda Filho, J.B. 2003. Autocorrelação espacial na avaliação de compostos de milho para resistência à lagarta do cartucho (*Spodoptera frugiperda*). *Pesquisa Agropecuária Tropical* 33(2): 65–72.
- Resende, M. 2003. Análise estatística espacial de experimentos via modelos mistos individuais com erros modelados por processos arima em duas dimensões. *Revista de matemática e estatística* 21(21): 7–33.
- Resende, D.V., Silva, F.F., and Azevedo, C.F. 2014. *Estatística Matemática, Biométrica e Computacional: Modelos Mistos, Multivariados, Categóricos e Generalizados (REML/BLUP), Interferência Bayesiana, Regressão Aleatória, Seleção Genômica, QTL-GWAS, Estatística Espacial e Temporal, Competição, Sobrevivência*. Suprema, Viçosa - MG.
- Ribeiro, A.C., Guimarães, P.T.G., and Alvarez, V.H. 1999. *Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais*. 5th ed. Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - SBCS, Viçosa.
- Richter, C., Kroschewski, B., Piepho, H.P., and Spilke, J. 2015. Treatment comparisons in agricultural field trials accounting for spatial correlation. *Journal of Agricultural Science*. doi: 10.1017/S0021859614000823.
- Sarker, A., and Singh, M. 2015. Improving breeding efficiency through application of appropriate experimental designs and analysis models: A case of lentil (*Lens culinaris* Medikus subsp. *culinaris*) yield trials. *Field Crops Research* 179: 26–34. doi: 10.1016/j.fcr.2015.04.007.
- Stefanova, K. T., Smith, A. B. and Cullis, B. R. 2009. Enhanced diagnostics for the spatial analysis of field trials. *Journal of Agricultural, Biological, and Environmental Statistics*, 14, 392–410.
- Schwarz, G. 1978. Estimating the Dimension of a Model. *The Annals of Statistics* 6(2): 461–464. doi: 10.1214/aos/1176344136.
- Velazco, J.G., Rodríguez-Álvarez, M.X., Boer, M.P., Jordan, D.R., Eilers, P.H.C., Malosetti, M., and Eeuwijk, F.A.V. 2017. Modelling spatial trends in sorghum

breeding field trials using a two-dimensional P-spline mixed model. *Theoretical and Applied Genetics*. 130: 1375-1392. doi: 10.1007/s00122-017-2894-4.

- Wyzykowski, J., Custódio, A.A.P, Custódio, A.A.P., GOMES, N.M., and Morais, A.R. 2015. Análise do diâmetro de copa do cafeeiro recepado utilizando um modelo não linear misto. *Revista Brasileira de Biometria* 33(3): 243–256.
- Yang, C., Hamel, C., Vujanovic, V., and Gan, Y. 2011. Fungicide: Modes of Action and Possible Impact on Nontarget Microorganisms. *ISRN Ecology* 2011: 1–8. doi: 10.5402/2011/130289.

CAPÍTULO 3: SELEÇÃO PARA QUALIDADE DE FRUTOS EM FAMÍLIAS DE TOMATEIROS RESISTENTES A REQUEIMA

RESUMO

Nos últimos anos, diversos trabalhos foram realizados na tentativa de desenvolver cultivares de tomateiro que alie a resistência a requeima com as características de qualidade organolépticas do fruto. Para realizar a seleção de genótipos, quando se trabalha com diferentes características, os índices de seleção são uma estratégia viável, uma vez que possibilitam a seleção simultânea, obtendo genótipos mais próximos do ideótipo desejado. Dessa forma, o objetivo do trabalho foi selecionar famílias F_{3:5} de tomateiros resistentes a requeima de acordo com atributos de qualidade de fruto utilizando o índice FAI-BLUP. Foram avaliadas 80 famílias F_{3:5} de tomateiro quanto a resistência à requeima. Como testemunhas foram utilizadas as cultivares Thaise, Argos e Liberty. Utilizou-se o delineamento em blocos causalizados, com três repetições. As parcelas experimentais foram compostas por cinco plantas, das quais três avaliadas. Foram avaliadas as variáveis largura do fruto (LF), comprimento dos frutos (CF), coloração dos frutos (L, a*, C e H), firmeza do fruto (FF), acidez titulável (AT), teor de sólidos solúveis (SS), potencial hidrogeniônico (pH), Relação SS/AT. Os dados de qualidade de fruto foram analisados utilizando a metodologia de modelo misto via REML/BLUP para obtenção dos BLUPs e esses valores foram submetidos ao índice de seleção FAI-BLUP. O índice FAI-BLUP foi eficiente para seleção dos genótipos de tomateiro resistentes a requeima para qualidade de frutos. Quatorze famílias foram as que mais se aproximaram do ideótipo desejável para qualidade de fruto. Esses genótipos devem seguir para as etapas subsequentes do programa de melhoramento da cultura.

Palavras-chaves: *Solanum lycopersicum*. *Phytophthora infestans*. FAI-BLUP. Ganho de seleção.

1. INTRODUÇÃO

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das hortaliças mais cultivadas no mundo e, no Brasil, é a segunda mais importante, superada apenas pela batata (Foolad, 2007; Socaci et al., 2014; IBGE, 2019). Pertencente à família das solanácea, o tomateiro, é reconhecido mundialmente devido sua importância socioeconômica e nutricional. Em 2019, a produção mundial do tomate foi de 180,8 milhões de toneladas em uma área de 5 milhões de hectares (FOASTAT, 2021).

Por sua importância, a cultura tem sido muito estudada, especialmente no que diz respeito ao aumento da produtividade e maior eficiência no uso da água e nutrientes, resistência a pragas e doenças e características de qualidade dos frutos (Charlo et al., 2009; Hunter et al., 2012; Park et al., 2014; Vicente et al., 2015). O tomateiro é suscetível a cerca de 200 doenças causadas por fungos, bactérias e nematoides (Nick et al., 2013). A mela ou requeima, causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, é uma das doenças mais destrutível da cultura, chegando a comprometer todo o campo de produção (Duarte et al., 2007).

Atualmente, o manejo da requeima é feito através de aplicações de fungicidas de caráter preventivo e/ou curativo (Fiorini et al., 2010; Copati et al., 2019). Dessa maneira, o custo de produção torna-se oneroso, além de causar diversos problemas aos seres humanos e ao meio ambiente (Duarte et al., 2007). Para alcançar o controle, a abordagem mais promissora, é a introdução de genes de resistência (Park et al., 2005). No entanto, para que uma cultivar tenha aceitação pelo mercado consumidor, além da resistência aos principais patógenos, precisa apresentar boa qualidade de fruto.

Nos últimos anos diversos trabalhos foram realizados na tentativa de desenvolver cultivares de tomateiro que alie a resistência a requeima com as características de qualidade organolépticas do fruto. A qualidade dos frutos e o valor de mercado são determinados pelo tamanho, forma, firmeza, cor, sabor e conteúdo sólido, que variam com a época de cultivo, cultivar e manejo da cultura (Maach et al., 2020). Esses atributos são os principais influenciadores dos consumidores no momento da compra. Dessa forma, apenas os que correspondem às expectativas do consumidor serão comercializados.

Para realizar a seleção de genótipos, quando se trabalha com diferentes características, os índices de seleção são uma estratégia viável, uma vez que

possibilitam a seleção simultânea, obtendo genótipos mais próximos do ideótipo desejado. Os primeiros índices de seleção utilizados no melhoramento de plantas e animal foram os propostos por Smith (1936) e Hazel (1943). Em seguida, diversos outros foram sugeridos (Elston, 1963; Pešek e Baker, 1969; Mulamba e Mock, 1978). Apesar da grande utilização desses índices todos apresentam obstáculos que limitam sua utilização por reduzirem a precisão do processo de seleção, o que pode levar a conclusões errôneas (Woyann et al., 2019).

O índice FAI-BLUP (Factor analysis and ideotype-design / melhor predição linear imparcial), proposto por Rocha et al. (2018), combina a análise fatorial e desenho de genótipo-ideótipo para seleção de múltiplas características. Esse índice tem sido usado com sucesso para seleção de genótipos em diversas culturas (Oliveira et al., 2019; Rocha et al., 2019; Silva et al., 2018; Woyann et al., 2019). As principais vantagens da utilização deste índice estão relacionadas a não dependência do emprego de peso econômicos e ser livre de multicolinearidade.

Dessa forma, o objetivo do trabalho foi selecionar famílias $F_{3:5}$ de tomateiros resistentes a requeima de acordo com atributos de qualidade de fruto utilizando o índice FAI-BLUP.

2. MATERIAL E MÉTODOS

2.1 Material Vegetal

Foram conduzidas 80 famílias $F_{3:5}$ de *Solanum lycopersicum* provenientes da cultivar híbrida (F_1) Iron Lady. Essa cultivar apresenta como principal característica a presença dos genes de resistência à requeima Ph2 e Ph3. Utilizou-se como testemunhas as cultivares comerciais Thaise, Argos e Liberty. As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, contendo substrato comercial Tropstrato®. O transplante para o campo ocorreu 45 dias após o semeio, quando apresentavam entre 4-5 folhas definitivas totalmente expandidas.

2.2 Local e condução dos experimentos

O experimento foi conduzido na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (“UEPE Horta Velha”) do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, localizada em Viçosa-MG (20° 45’ 14” S; 42° 52’ 53” W; 648 m de altitude), no período de junho a outubro de 2017.

A classificação textural do solo foi Argilo-arenosa na profundidade de 0-20 cm (Lemos and Santos, 1996). Os atributos químicos e físicos do solo são: pH (água)= 6,0; P= 67,1 mg dm⁻³; K⁺= 150,0 mg dm⁻³; MO= 3,0 dag kg⁻¹; Al⁺³= 0,0 cmol_c L⁻¹; Ca⁺²= 4,5 cmol_c L⁻¹; Mg⁺²= 1,0 cmol_c L⁻¹; CTC (T)= 10,2 cmol_c L⁻¹; V (%)= 58; m (%)= 0,0; argila = 36 %; areia= 46 % e silte= 18 %.

O delineamento utilizado foi em blocos casualizados, com três repetições. As parcelas experimentais foram compostas por cinco plantas, das quais foram avaliadas as três centrais. O experimento totalizou 1245 plantas, sendo avaliadas 747.

Foi utilizado o tutoramento com fitilho horizontal, desbrotando as plantas até a primeira bifurcação. O espaçamento utilizado foi de 0,5 × 1,0 m, entre plantas e linhas, respectivamente. Utilizou-se da irrigação localizada, no sistema de tubos gotejadores. Os tratos culturais foram realizados semanalmente conforme a necessidade e recomendação para a cultura. As adubações foram realizadas conforme a análise de solo e a recomendação de acordo com a 5ª aproximação (Ribeiro et al., 1999) e a recomendação de Alvarenga (2013).

2.3 Características avaliadas

Para a análise da qualidade foram colhidos frutos da parte mediana da planta, no estágio verde-maturo. Os frutos foram transportados até o laboratório de manejo de recursos genéticos do departamento de Agronomia da UFV, onde foram avaliados. As características avaliadas foram:

- Largura (LF) e comprimento dos frutos (CF): foram avaliados com o auxílio de um paquímetro digital, sendo os resultados expressos em milímetros (mm);
- Coloração dos frutos: foram avaliados realizando-se leituras na região equatorial do fruto com o auxílio de um colorímetro. O colorímetro foi ajustado para o sistema de leitura L*a* b* e calibrado em uma placa branca padrão. Os valores de L* indicam

luminosidade/brilho e variam de 0 a 100 (0 = totalmente preto e 100 = totalmente branco), o a^* representa uma escala de tonalidade que vai do verde ($-a = -60$ ao 0) ao vermelho ($+a = 0$ ao $+60$) e o b^* representa uma escala de tonalidade que vai do amarelo ($-a = -60$ ao 0) ao azul ($+a = 0$ ao $+60$). O índice de cromaticidade (C), que indica a saturação ou pureza da cor, enquanto o ângulo Hue (H) define a tonalidade da cor ($0^\circ =$ vermelho; $90^\circ =$ amarelo; $180^\circ =$ verde, e $270^\circ =$ azul);

- Firmeza do fruto (FF): as leituras foram feitas na região equatorial do fruto. A medida foi expressa como a força, em Newton (N), necessária para penetrar a polpa do tomate;

- A acidez titulável (AT): foi determinada em 10 gramas da polpa homogeneizada diluída em 50 mL de água destilada, pela titulação com solução padronizada de NaOH a 0,1N. O resultado foi expresso em gramas de ácido cítrico por 100 g de polpa;

- Teor de sólidos solúveis (SS): expresso em $^\circ$ Brix, com o auxílio de refratômetro digital;

- Potencial hidrogeniônico (pH): a determinação foi realizada com auxílio de pHmetro, calibrado periodicamente com solução tampão de pH 4 e 7, sendo esta determinação feita diretamente em suco integral de tomate;

- Relação SS/AT: obtida pela razão entre sólidos solúveis totais e acidez total titulável.

2.4 Análises Estatísticas

Os dados de qualidade de fruto foram analisados utilizando a metodologia de modelo misto via REML / BLUP (máxima verossimilhança residual restrita / melhor predição linear imparcial) (Patterson and Thompson, 1971; Henderson, 1975), usando o Pacote de software R lme4.

O modelo estatístico foi denotado por:

$$Y = Xr + Zg + Wp + \varepsilon$$

Onde:

y = vetor de dados; r = vetor dos efeitos de repetição (assumido como fixo) adicionado à média geral; g = vetor de efeitos do genótipo (assumido como aleatório); p = vetor de efeitos de parcela (assumido como aleatório); X , Z e W representam as matrizes de incidência para esses efeitos.

Para os efeitos aleatórios do modelo, a significância do teste da razão de verossimilhança foi testada usando a estatística qui-quadrado com um grau de liberdade. Os valores genéticos (médias do BLUP) foram preditos para cada um dos oitenta e três genótipos com base nas 11 características avaliadas.

2.5 Classificação das famílias

Os valores genéticos (médias BLUP) foram submetidos ao índice de seleção FAI-BLUP, baseado em análise fatorial e desenho genótipo-ideótipo, para classificar os genótipos. A análise de componentes principais, a análise fatorial, a determinação do ideótipo e a distância genótipo-ideótipo foram realizadas usando a rotina do índice FAI-BLUP desenvolvida por Rocha et al. (2018) no software R.

A análise de componentes principais foi utilizada para extrair as cargas fatoriais da matriz de correlação entre os valores genéticos. Para a rotação analítica foi utilizado o critério varimax (Kaiser, 1958), já para o cálculo dos escores fatoriais foi utilizado o método dos mínimos quadrados ponderados (Bartlett, 1978).

Em seguida, o número de ideótipos foi definido com base na combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o objetivo da seleção. O seguinte algoritmo forneceu o número de ideótipos:

$$NI = 2^n$$

Onde, NI = número de ideótipos e n = Número de fatores.

O ideótipo para qualidade de fruto foi determinado considerando os valores ideais para cada característica (valores mínimos ou máximos do conjunto de dados) apresentados na tabela 1. O ideótipo foi construído considerando o valor genético

máximo previsto para os caracteres LF, CF, L, a, C, Firm, AT, SST, pH e SST/AT e os valores genéticos mínimos previstos para H.

Tabela 1: Valores máximos, mínimos, média e ideótipos desejável e indesejável para cada variável avaliada.

	CF	LF	Firm	L	a	C	H	SST	pH	SST/AT	AT
Máximo	80,59	92,46	23,25	41,60	107,55	121,04	56,67	4,45	5,70	24,52	0,56
Médio	39,28	49,30	5,30	30,40	28,55	45,71	46,58	2,20	4,08	6,25	0,11
Mínimo	57,67	69,73	13,46	35,63	41,79	60,92	31,59	3,28	4,43	10,46	0,32
Desejável	max	max	max	max	max	max	min	max	max	max	max
Indesejável	min	min	min	min	min	min	max	min	min	min	min

Após a determinação do ideótipo, as distâncias genótipo-ideótipo foram estimadas e convertidas em probabilidade espacial permitindo a classificação do genótipo. O seguinte algoritmo foi usado:

$$P_{ij} = \frac{\frac{1}{d_{ij}}}{\sum_{i=1, j=1}^{i=n, j=m} \frac{1}{d_{ij}}}$$

Onde, P_{ij} = Probabilidade do i -ésimo genótipo ($i = 1, 2, \dots, n$) ser semelhante ao j -ésimo ideótipo ($j = 1, 2, \dots, m$); d_{ij} = Distância genótipo-ideótipo do i^o genótipo ao j^o ideótipo - com base na distância euclidiana média padronizada.

3. RESULTADOS

Na tabela 2 são apresentados os autovalores e a variância acumulada obtidas dos componentes principais por meio da matriz de correlação entre os valores genéticos. Os quatro primeiros componentes apresentam autovalores superiores a 1, o que sugere a redução do dimensionamento dos dados em quatro fatores (Kaiser, 1958). Aproximadamente 69% da variabilidade genética presente no conjunto de dados foi acumulada nos quatro primeiros componentes.

Tabela 2: Estimativas dos autovalores da análise de componentes principais e a proporção da variância explicada por cada um deles.

Componente principal	Auto Valores	Variância acumulada
PC1	2,73603919	24,87308
PC2	2,13896949	44,31826
PC3	1,58543579	58,73131
PC4	1,13697155	69,06742
PC5	0,9741464	77,92329
PC6	0,84667483	85,62034
PC7	0,66113647	91,63067
PC8	0,49314111	96,11377
PC9	0,33859297	99,19189
PC10	0,05047566	99,65076
PC11	0,03841652	100

As cargas fatoriais após a rotação varimax para os quatro fatores estão representadas na figura 1. As cores indicam a correlação entre os traços do fator, quanto mais azul é mais negativo, quanto mais vermelho é mais positivo. Foi observado correlações de alta magnitude entre as variáveis em todos os fatores, sendo as variáveis com cores mais intensas as que mais se correlacionaram dentro do fator.

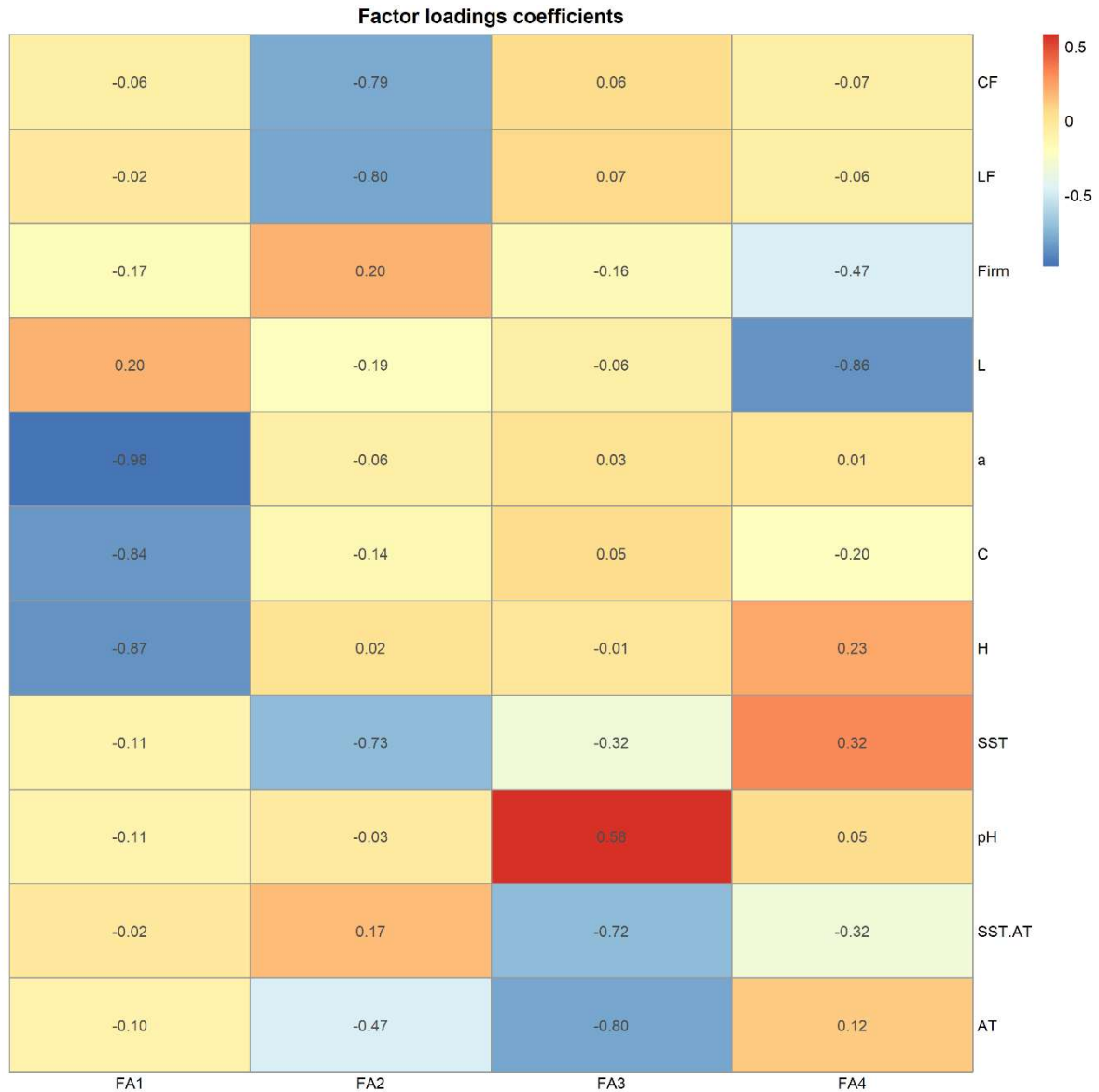


Figure 1: Mapa de calor mostrando as cargas fatoriais após a rotação varimax para os fatores. A= tonalidade entre verde e vermelho; C= cromaticidade; H= ângulo Hue; Larg= largura do fruto; SST= teor de sólidos solúveis (°Brix); AT= Acidez titulável; pH= acidez total; SST/AT= Relação SS/AT; Firm= firmeza do Fruto; L= luminosidade/brilho.

Na figura 2 encontram-se o agrupamento das características em fatores. No primeiro fator foram agrupadas as características tonalidade da cor (a), cromaticidade (C) e o ângulo Hue (H). No segundo fator foi agrupado as características largura do fruto (LF), comprimento do fruto (CF) e teor de sólidos solúveis (SST). No terceiro a acidez total (pH), acidez titulável (AT) e no quarto fator Firmeza e Luminosidade. Na análise de fatores as características que apresentam as maiores correlações entre si são agrupadas nos mesmos fatores, em relação as

características compiladas em fatores diferentes. As correlações genéticas entre as características podem ter a mesma direção ou direção oposta.

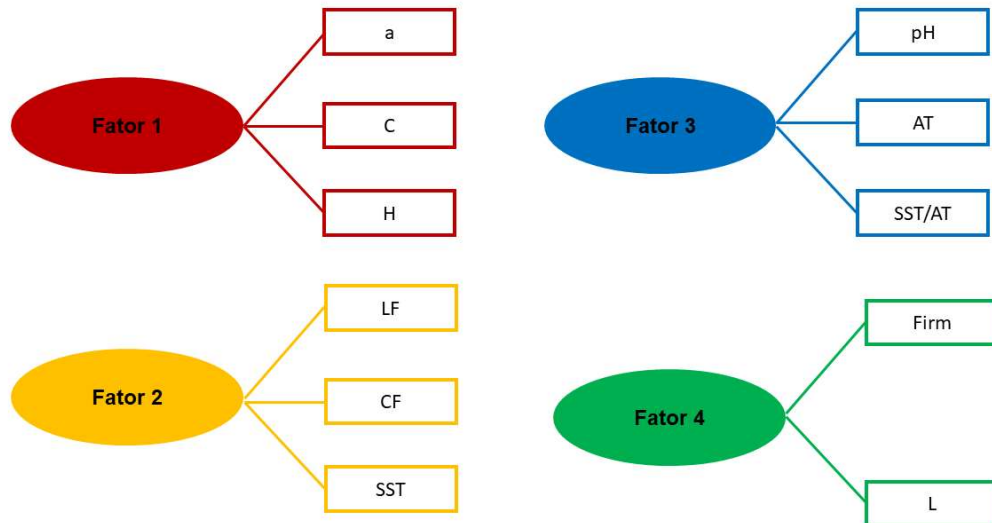


Figure 2: Características avaliadas agrupadas em quatro fatores. A= tonalidade entre verde e vermelho; C= cromaticidade; H= ângulo Hue; Larg= largura do fruto; SST= teor de sólidos solúveis (°Brix); AT= Acidez titulável; pH= acidez total; SST/AT= Relação SS/AT; Firm= firmeza do Fruto; L= luminosidade/brilho.

O ideótipo para qualidade de fruto foi formado considerando o genótipo que apresentou características desejáveis para todos os fatores. Na Figura 3 apresenta a classificação dos oitenta e três genótipos de acordo com o índice FAI-BLUP e a probabilidade em relação à distância do ideótipo para qualidade de fruto. Os melhores genótipos classificados de acordo com o índice FAI-BLUP foram 76, 12, 82 (cultivar Theise), 42, 8, 57, 65, 31, 10, 44, 19, 38, 9, 20, 53. Apenas a cultivar Argos se aproximou do ideótipo desejado. Os genótipos 73, a cultivar Agros (genótipo 80), 61, 77, 11, 79 e 70 formam os mais distantes do ideótipo desejado para as características de qualidade de fruto no tomateiro.

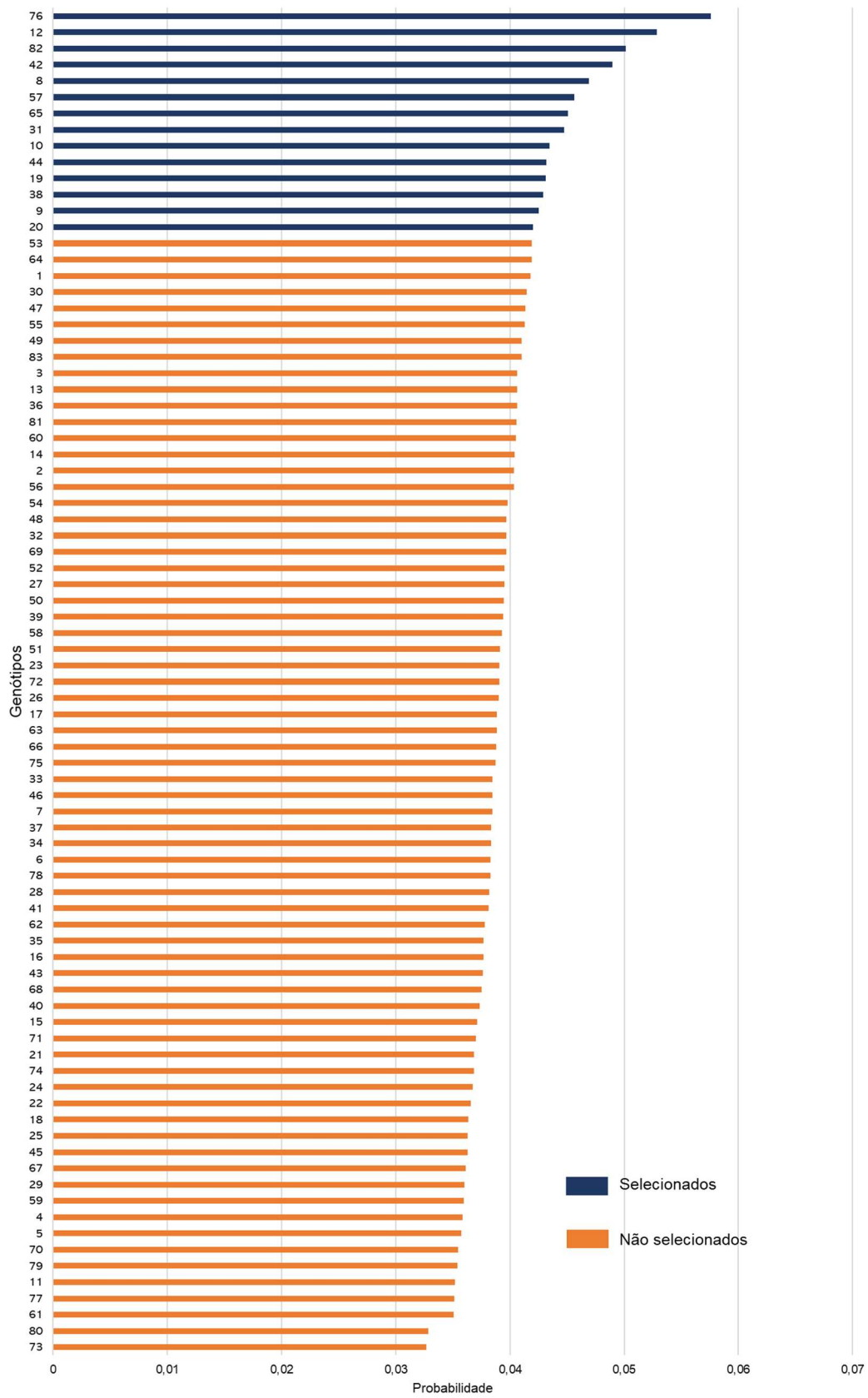


Figure 3: Classificação de genótipos e genótipos selecionados usando o índice FAI-BLUP.

4. DISCUSSÃO

Para o lançamento de um novo cultivar no mercado, além da resistência aos principais patógenos, eles precisam apresentar boa qualidade de fruto. Dessa forma, a utilização dos índices de seleção é uma estratégia eficiente para serem adotadas nos programas de melhoramento das culturas. Os índices de seleção permitem a seleção simultânea de várias características, o que proporciona grande vantagem nas etapas de seleção. No entanto, os ganhos genéticos, quando se utiliza esse tipo de metodologia, devem ser avaliados em conjunto, uma vez que reduções nos ganhos podem ser observadas para algumas variáveis quando avaliadas isoladamente (Zetouni et al., 2017).

A seleção de genótipos de tomateiro resistentes a requeima de acordo com os atributos de qualidade de fruto pode ser realizado com eficiência pelo índice de seleção FAI-BLUP. Esse índice de seleção foi proposto para utilização no melhoramento para seleção de capim elefante para bioenergia (Rocha et al., 2018). Essa metodologia permite que os genótipos sejam classificados com base em um projeto genótipo-ideótipo utilizando várias variáveis. Recentemente, esse índice, foi utilizado com eficiência em trabalhos com diferentes culturas (Silva et al., 2018; Rocha et al., 2019; Oliveira et al., 2019; Woyann et al., 2019).

O FAI-BLUP, em comparação com os índices tradicionalmente utilizados, apresenta as vantagens de não necessitar da atribuição de pesos econômicos e de ser livre de multicolinearidade (Rocha et al., 2018). A multicolinearidade é um problema comum quando se trabalha com várias características. A avaliação com dados com multicolinearidade pode comprometer o processo de seleção, uma vez que fornece erros inflacionados, levando a resultados imprecisos em relação aos testes de significância (Dormann et al., 2013; Prunier et al., 2015).

Na primeira etapa da metodologia do índice FAI-BLUP é feito as análises de componentes principais e a análise de fatores exploratória com o intuito de se extrair as cargas fatoriais da matriz de correlação genética. Em seguida, baseados na combinação de fatores desejáveis e indesejáveis para o melhoramento genético, são determinados os ideótipos. Depois da determinação dos ideótipos, são estimados as distâncias genótipo-ideótipo, que são convertidas em probabilidade espacial, possibilitando, assim, o ranqueamento dos genótipos (Rocha et al., 2018).

A análise de componentes principais, reduziu as variáveis para quatro componentes, os quais conseguiram compilar a maior parte da variabilidade genética dos genótipos avaliados. Resultados semelhantes foram encontrados por Bojarian et al. (2019). Esses autores, avaliando variáveis de qualidade de fruto no tomateiro utilizando componentes principais e análise de fatores conseguiu agrupar 68,2% da variabilidade em cinco fatores. Análise de componentes principais e a análise de fatores são metodologias eficientes para serem utilizadas no melhoramento genético de plantas para características que apresentam baixa herdabilidade, principalmente nas primeiras gerações de seleção (Bojarian et al., 2019). Ademais, reduz os dados multivariados em algumas variedades artificiais, que podem ser usadas nas etapas de classificação e seleção dos genótipos. Esta abordagem é especialmente vantajosa quando se deseja estudar simultaneamente um grande número de descritores (Golbashy et al., 2010; Beiragi et al., 2011).

Os atributos de qualidade de fruto foram agrupados em quatro fatores: o primeiro relacionado com a coloração dos frutos, o segundo com tamanho dos frutos, o terceiro com os atributos químicos da polpa e o quarto com os atributos físicos da casca. No primeiro fator a seleção para cor é facilitada, uma vez que todas as variáveis apresentaram correlações de mesma magnitude. A cor é um dos principais atributo que os consumidores usam nas decisões de compra do tomate. Além disso, é um indicativo do teor de açúcar, acidez e sabor (Wan et al., 2018) e é amplamente utilizada como indicar do nível de maturidade dos frutos (Arivazhagan et al., 2010).

Características de cor, também, têm sido aplicadas para avaliação e determinação, pelo mercado consumidor, da qualidade de maçãs e pêssegos (Li et al., 2009; Wan et al., 2018). Ademais, a cor é um atributo de grande importância para seleção indireta de frutos com altos teores de licopeno na polpa. Os índices do sistema CIE $L^* a^* b^*$ apresentaram bons coeficientes de correlação com o teor de licopeno, entre 0,75 e 0,93 $a^* b^*$, respectivamente (Gómez et al., 2001; Weingerl and Unuk, 2015; Ilahy et al., 2018).

No segundo fator a variável SST se correlacionou com as variáveis de comprimento e largura do fruto, o que é justificável pelo fato de que o tamanho pode ser influenciado pelo quantidade de matéria seca dos frutos, que, conseqüentemente, pode influenciar no teor de sólidos solúveis na polpa (Beckles, 2012). O teor de sólidos solúveis e o conteúdo de matéria seca são inversamente proporcionais. Dessa forma, esperava-se que a correção entre as variáveis de tamanho de fruto (comprimento e

largura) e sólidos solúveis dentro do fator 2 tivessem altas magnitudes, porém sinais opostos, o que não foi observado.

O fator 3 compilou variáveis importantes para o sabor dos frutos e aceitação dos frutos pelos consumidores. Apesar do TSS ser uma variável importante e amplamente utilizada para a determinação do sabor dos frutos não foi classificado no fator 3. Isso pode ser devido a inconsistências geradas na comparação desta variável entre diferentes genótipos, uma vez que os valores podem ser distorcidos se o fruto acumular níveis muito baixos (Gautier et al., 2008) ou muito altos (Luengwilai et al., 2010) de ácido. Dessa forma, o mais indicado é utilizar a razão entre TSS e AT (Beckles, 2012).

Atualmente, é observado, no mercado, uma redução na aceitação das variedades modernas. Isso é devido a menor concentração de açúcares, ácidos e compostos voláteis, características que afetam diretamente a aceitabilidade do consumidor (Tieman et al., 2017; Akpolat et al., 2020). O pH apresentou sinal oposto as demais variáveis deste fator, o que era esperado, visto que quanto menor o valor de pH maiores serão os valores de acidez titulável.

A firmeza e a luminosidade dos frutos foram agrupadas no quarto fator. A firmeza, além de ser uma variável que tem grande influência na compra e aceitação pelo consumidor (Causse et al., 2010). Também interfere na percepção de sabor e aroma e influencia significativamente a vida de prateleira (Seymour, 2002; Bertin and Génard, 2018). Ademais, é de extrema importância no campo, uma vez que frutos mais firmes tendem a serem mais resistentes ao ataque de patógenos e apresentam maior resistência ao transporte, sendo importantes, principalmente, quando os frutos são transportados por longas distâncias.

A partir do ranqueamento os genótipos 76 e 12 foram os que mais se aproximaram do ideótipo desejável, sendo estes superiores a cultivar comercial Argos. As cultivares Argos e Liberty foram ranqueadas distante do ideótipo desejado, o que demonstra o grande potencial dos materiais avaliados para características de qualidade de fruto, uma vez que muitos deles apresentaram performance superior aos cultivares comerciais que já possuem um bom padrão de qualidade de frutos. Utilizando a intensidade de seleção de 20% foram selecionados os genótipos 76, 12, 42, 8, 57, 65, 31, 10, 44, 19, 38, 9, 20, 53 como os mais próximos do ideótipo desejável. Isso é de grande valia para o programa melhoramento da cultura, uma vez que esses genótipos além de resistência à requeima apresentam boas características

de qualidade de fruto. Os genótipos mais distantes dos ideótipos, apesar de resistentes à requeima não devem permanecer no programa de melhoramento da cultura, já que a obtenção de frutos com padrões de qualidade requerido pelo mercado consumidor será dificultado.

5. CONCLUSÕES

O índice FAI-BLUP foi eficiente para seleção das famílias de tomateiro resistentes a requeima para qualidade de frutos. Quatorze genótipos foram selecionados, os que mais se aproximaram do ideótipo desejável para qualidade de fruto. Esses genótipos devem seguir para as etapas subsequentes do programa de melhoramento da cultura.

6. REFERÊNCIAS

- Akpolat, H., Barineau, M., Jackson, K.A., Aykas, D.P., and Rodriguez-Saona, L.E. 2020. Portable infrared sensing technology for phenotyping chemical traits in fresh market tomatoes. *LWT* 124, 109164. <https://doi.org/10.1016/j.lwt.2020.109164>
- Alvarenga, M. 2013. *Tomate: Produção em campo, casa de vegetação e hidroponia*, Editora Un. ed. 2 ed, Lavras.
- Arivazhagan, S., Shebiah, R.N., Selva Nidhyandhan, S., and Ganesan, L. 2010. Journal of Computing Fruit Recognition using Color and Texture Features, *Journal of Emerging Trends in Computing and Information Sciences*.
- Bartlett, M.S. 1978. Nearest Neighbour Models in the Analysis of Field Experiments. *J. R. Stat. Soc. Ser. B* 40, 147–158. <https://doi.org/10.1111/j.2517-6161.1978.tb01657.x>
- Beckles, D.M. 2012. Factors affecting the postharvest soluble solids and sugar content of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) fruit. *Postharvest Biol. Technol.* <https://doi.org/10.1016/j.postharvbio.2011.05.016>
- Beiragi, M.A., Ebrahimi, M., Mostafavi, K., and Khorasani, S.K. 2011. A study of morphological basis of corn (*Zea mays* L.) yield under drought stress condition using correlation and path coefficient analysis. undefined.
- Bertin, N., and Génard, M. 2018. Tomato quality as influenced by preharvest factors. *Sci. Hortic. (Amsterdam)*. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2018.01.056>
- Bojarian, M., Asadi-Gharneh, H.A., and Golabadi, M. 2019. Factor analysis, stepwise regression and path coefficient analyses of yield, yield-associated traits, and fruit quality in tomato. *Int. J. Veg. Sci.* 25, 542–553. <https://doi.org/10.1080/19315260.2018.1551260>
- Causse, M., Friguet, C., Coiret, C., Lépicier, M., Navez, B., Lee, M., Holthuysen, N., Sinesio, F., Moneta, E., and Grandillo, S. 2010. Consumer Preferences for Fresh Tomato at the European Scale: A Common Segmentation on Taste and Firmness. *J. Food Sci.* 75, S531–S541. <https://doi.org/10.1111/j.1750-3841.2010.01841.x>
- Charlo, H.C.O., Souza, S.C., Castoldi, R., and Braz, L.T. 2009. Performance and quality of tomato fruits of Santa Cruz group in greenhouse with different number of stems. *Hortic. Bras.* 27, 144–149. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362009000200004>
- Copati, M.G.F., Alves, F.M., Dariva, F.D., Pessoa, H.P., Dias, F.O., Carneiro, P.C.S., Silva, D.J.H., and Nick, C. 2019. Resistance of the wild tomato *Solanum*

- habrochaites to phytophthora infestans is governed by a major gene and polygenes. *An. Acad. Bras. Cienc.* 91, 20190149. <https://doi.org/10.1590/0001-3765201920190149>
- Dormann, C.F., Elith, J., Bacher, S., Buchmann, C., Carl, G., Carré, G., Marquéz, J.R.G., Gruber, B., Lafourcade, B., Leitão, P.J., Münkemüller, T., McClean, C., Osborne, P.E., Reineking, B., Schröder, B., Skidmore, A.K., Zurell, D., and Lautenbach, S. 2013. Collinearity: A review of methods to deal with it and a simulation study evaluating their performance. *Ecography (Cop.)*. 36, 27–46. <https://doi.org/10.1111/j.1600-0587.2012.07348.x>
- Duarte, H., Zambolim, L., and Waldir, W. 2007. ARTIGOS Manejo da requeima do tomateiro industrial empregando sistema de previsão. *Summa Phytopathol* 33, 328–334.
- Elston, R.C. 1963. A weight-free index for the purpose of ranking or selection with respect to several traits at a time. *Biometrics* 19:85–97. doi:10.2307/2527573
- FAOSTAT. 2021. Food and Agriculture Organization of the United Nations. In: Acesso em: 10 jan. 2021. <http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>. Accessed 10 Jan 2021
- Fiorini, C.V.A., da Silva, D.J.H., Fonseca e Silva, F., Mizubuti, E.S.G., Alves, D.P., and Sá Cardoso, T. 2010. Agrupamento de curvas de progresso de requeima, em tomateiro originado de cruzamento interespecífico. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 45, 1095–1101. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2010001000007>
- Foolad, M.R. 2007. Genome mapping and molecular breeding of tomato. *Int. J. Plant Genomics* 2007. <https://doi.org/10.1155/2007/64358>
- Gautier, H., Diakou-Verdin, V., Bénard, C., Reich, M., Buret, M., Bourgaud, F., Poëssel, J.L., Caris-Veyrat, C., and Génard, M. 2008. How does tomato quality (sugar, acid, and nutritional quality) vary with ripening stage, temperature, and irradiance? *J. Agric. Food Chem.* 56, 1241–1250. <https://doi.org/10.1021/jf072196t>
- Golbashy, M., Ebrahimi, M., Khorasani, S.K., and Choukan, R. 2010. Evaluation of drought tolerance of some corn (*Zea mays* L.) hybrids in Iran, *African Journal of Agricultural Research*.
- Gómez, R., Costa, J., Amo, M., Alvarruiz, A., Picazo, M., and Pardo, J.E. 2001. Physicochemical and colorimetric evaluation of local varieties of tomato grown in SE Spain. *J. Sci. Food Agric.* 81, 1101–1105. <https://doi.org/10.1002/jsfa.915>
- Hazel, L.N. 1943. The genetic basis for constructing selection

- indexes. *Genetics* 28: 476– 490.
- Henderson, C.R. 1975. Best Linear Unbiased Estimation and Prediction under a Selection Model. *Biometrics* 31, 423. <https://doi.org/10.2307/2529430>
- Hunter, B., Drost, D., Black, B., and Ward, R. 2012. Improving growth and productivity of early-season high-tunnel tomatoes with targeted temperature additions. *HortScience* 47, 733–740. <https://doi.org/10.21273/hortsci.47.6.733>
- Ilahy, R., Siddiqui, M.W., Tlili, I., Montefusco, A., Piro, G., Hdidier, C., and Lenucci, M.S. 2018. When Color Really Matters: Horticultural Performance and Functional Quality of High-Lycopene Tomatoes. *CRC. Crit. Rev. Plant Sci.* 37, 15–53. <https://doi.org/10.1080/07352689.2018.1465631>
- IBGE. 2019. Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Disponível em: https://biblioteca.ibge.gov.br/visualizacao/periodicos/2415/epag_2019_dez.pdf. Acesso em: dezembro/2020.
- Kaiser, H.F. 1958. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. *Psychometrika* 23, 187–200. <https://doi.org/10.1007/BF02289233>
- Lemos, R., and Santos, R. 1996. Manual de descrição e coleta de solo no campo Sociedade Brasileira de Ciência do Solo, 3^a. ed. Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - Centro Nacional de Pesquisa de Solos, Campinas-SP.
- Li, C., Cao, Q., and Guo, F. 2009. A method for color classification of fruits based on machine vision. *WSEAS Trans. Syst.* 8, 312–321.
- Luengwilai, K., Fiehn, O.E., and Beckles, D.M. 2010. Comparison of leaf and fruit metabolism in two tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes varying in total soluble solids. *J. Agric. Food Chem.* 58, 11790–11800. <https://doi.org/10.1021/jf102562n>
- Maach, M., Boudouasar, K., Akodad, M., Skalli, A., Moumen, A., and Baghour, M. 2020. Application of biostimulants improves yield and fruit quality in tomato. *Int. J. Veg. Sci.* <https://doi.org/10.1080/19315260.2020.1780536>
- Mulamba, N.M., and Mock, J.J. 1978. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. *Egyptian Journal of Genetics and Cytology*, v.7, p.40-51,
- Nick, C., Laurindo, B.S., Almeida, V. de S., Freitas, R.D. de, Aguilera, J.G., Silva, E.C.F. da, Cruz, C.D., and Silva, D.J.H. da. 2013. Seleção simultânea para qualidade do fruto e resistência à requeima em progênies de tomateiro. *Pesqui. Agropecu. Bras.* 48, 59–65. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2013000100008>

- Oliveira, I.C.M., Marçal, T.S., Bernardino, K.C., Ribeiro, P.C.O., Parrella, R.A.C., Carneiro, P.C.S., Schaffert, R.E., and Carneiro, J.E.S. 2019. Combining Ability of Biomass Sorghum Lines for Agroindustrial Characters and Multitrait Selection of Photosensitive Hybrids for Energy Cogeneration. *Crop Sci.* 59, 1554–1566. <https://doi.org/10.2135/cropsci2018.11.0693>
- Park, S.J., Jiang, K., Tal, L., Yichie, Y., Gar, O., Zamir, D., Eshed, Y., and Lippman, Z.B. 2014. Optimization of crop productivity in tomato using induced mutations in the florigen pathway. *Nat. Genet.* 46, 1337–1342. <https://doi.org/10.1038/ng.3131>
- Park, T.H., Vleeshouwers, V.G.A.A., Hutten, R.C.B., Van Eck, H.J., Van Der Vossen, E., Jacobsen, E., and Visser, R.G.F. 2005. High-resolution mapping and analysis of the resistance locus Rpi-abpt against *Phytophthora infestans* in potato. *Mol. Breed.* 16, 33–43. <https://doi.org/10.1007/s11032-005-1925-z>
- Patterson, H.D., and Thompson, R. 1971. Biometrika Trust Recovery of Inter-Block Information when Block Sizes are Unequal, Source: Biometrika.
- Pešek, J., and R.J. Baker. 1969. Desired improvement in relation to selection indices. *Can. J. Plant Sci.* 49:803–804. doi:10.4141/ cjps69-137
- Prunier, J.G., Colyn, M., Legendre, X., Nimon, K.F., and Flamand, M.C. 2015. Multicollinearity in spatial genetics: Separating the wheat from the chaff using commonality analyses. *Mol. Ecol.* <https://doi.org/10.1111/mec.13029>
- Ribeiro, A.C., Guimarães, P.T.G., and Alvarez, V.H. 1999. Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais, 5th ed. Sociedade Brasileira de Ciência do Solo - SBCS, Viçosa.
- Rocha, J.R. do A.S. de C., Machado, J.C., and Carneiro, P.C.S. 2018. Multitrait index based on factor analysis and ideotype-design: proposal and application on elephant grass breeding for bioenergy. *GCB Bioenergy* 10, 52–60. <https://doi.org/10.1111/gcbb.12443>
- Rocha, J.R. do A.S. de C., Nunes, K.V., Carneiro, A.L.N., Marçal, T. de S., Salvador, F.V., Carneiro, P.C.S., and Carneiro, J.E.S. 2019. Selection of superior inbred progenies toward the common bean ideotype. *Agron. J.* 111, 1181–1189. <https://doi.org/10.2134/agronj2018.12.0761>
- Seymour, G.B. 2002. Genetic identification and genomic organization of factors affecting fruit texture. *J. Exp. Bot.* 53, 2065–2071. <https://doi.org/10.1093/jxb/erf087>
- Silva, M.J., Carneiro, P.C.S., Carneiro, J.E.S., Damasceno, C.M.B., Parrella, N.N.L.D.,

- Pastina, M.M., Simeone, M.L.F., Schaffert, R.E., and Parrella, R.A.C. 2018. Evaluation of the potential of lines and hybrids of biomass sorghum. *Ind. Crops Prod.* 125, 379–385. b
- Smith, H.F. (1936). A discriminant function for plant selection. *Annals of Eugenics*, 7, 240–250.
- Socaci, S.A., Socaciu, C., Mureşan, C., Fărcaş, A., Tofană, M., Vicaş, S., and Pinte, A. 2014. Chemometric Discrimination of Different Tomato Cultivars Based on Their Volatile Fingerprint in Relation to Lycopene and Total Phenolics Content. *Phytochem. Anal.* 25, 161–169. <https://doi.org/10.1002/pca.2483>
- Tieman, D., Zhu, G., Resende, M.F.R., Lin, T., Nguyen, C., Bies, D., Rambla, J.L., Beltran, K.S.O., Taylor, M., Zhang, B., Ikeda, H., Liu, Z., Fisher, J., Zemach, I., Monforte, A., Zamir, D., Granell, A., Kirst, M., Huang, S., and Klee, H. 2017. A chemical genetic roadmap to improved tomato flavor. *Science* 355, 391–394. <https://doi.org/10.1126/science.aal1556>
- Vicente, M.H., Zsögön, A., de Sá, A.F.L., Ribeiro, R. V., and Peres, L.E.P. 2015. Semi-determinate growth habit adjusts the vegetative-to-reproductive balance and increases productivity and water-use efficiency in tomato (*Solanum lycopersicum*). *J. Plant Physiol.* 177, 11–19. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2015.01.003>
- Wan, P., Toudeshki, A., Tan, H., and Ehsani, R. 2018. A methodology for fresh tomato maturity detection using computer vision. *Comput. Electron. Agric.* 146, 43–50. <https://doi.org/10.1016/j.compag.2018.01.011>
- Weingerl, V., and Unuk, T. 2015. Chemical and fruit skin colour markers for simple quality control of tomato fruits. *Croat. J. Food Sci. Technol.* 7, 76–85. <https://doi.org/10.17508/cjfst.2015.7.2.03>
- Woyann, L.G., Meira, D., Zdziarski, A.D., Matej, G., Milioli, A.S., Rosa, A.C., Madella, L.A., and Benin, G. 2019. Multiple-trait selection of soybean for biodiesel production in Brazil. *Ind. Crops Prod.* 140, 111721. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2019.111721>
- Zetouni, L., Henryon, M., Kargo, M., and Lassen, J. 2017. Direct multitrait selection realizes the highest genetic response for ratio traits¹. *J. Anim. Sci.* 95, 1921–1925. <https://doi.org/10.2527/jas.2016.1324>