

BRUNO GARCIA MARIM

**HERANÇA DO PORTE E DO HÁBITO DE CRESCIMENTO EM TOMATEIRO
E SELEÇÃO DE PLANTAS ANÃS PARA PRODUTIVIDADE**

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

**VIÇOSA
MINAS GERAIS – BRASIL
2011**

**Ficha catalográfica preparada pela Seção de Catalogação e
Classificação da Biblioteca Central da UFV**

T

M336h
2011

Marim, Bruno Garcia, 1981-

Herança do porte e do hábito de crescimento em tomateiro
e seleção de plantas anãs para produtividade / Bruno Garcia
Marim. – Viçosa, MG, 2011.
x, 69f. : il. ; 29cm.

Orientador: Derly Henriques da Silva.

Tese (doutorado) - Universidade Federal de Viçosa.

Referências bibliográficas: f. 59-69

1. Tomate - Genética. 2. Tomate - Melhoramento genético.
3. Germoplasma vegetal - Recursos. 4. Genética quantitativa.
5. Nanismo vegetal. I. Universidade Federal de Viçosa. II.
Título.

CDD 22. ed. 635.6422

BRUNO GARCIA MARIM

**HERANÇA DO PORTE E DO HÁBITO DE CRESCIMENTO EM TOMATEIRO
E SELEÇÃO DE PLANTAS ANÃS PARA PRODUTIVIDADE**

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

APROVADA: 02 de maio de 2011

Prof. Leonardo Lopes Bhering
(Co-Orientador)

Prof. Moacil Alves de Souza
(Co-Orientador)

Prof. Mario Puiatti

Pesq. Felipe Lopes da Silva

Prof. Derly José Henriques da Silva
(Orientador)

Ao meu pai

Á minha mãe

Ao meu irmão

Á Arianne

Dedico

AGRADECIMENTOS

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

À Universidade Federal de Viçosa e ao Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento pela oportunidade de realização do curso.

Ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico – CNPq, pela concessão da bolsa de estudo.

Aos professores Leonardo Lopes Bhering, Mario Puiatti, Moacil Alves de Souza e ao pesquisador Felipe Lopes da Silva pela participação na defesa e pelas excelentes sugestões.

Aos professores e amigos de curso que, de alguma forma, contribuíram para minha formação.

A todos que passaram pelo Núcleo de Estudo em Olericultura – NEO pela ajuda na execução dos trabalhos e pela troca de conhecimentos.

Aos funcionários da Horta Nova da UFV pelo auxílio na condução dos experimentos.

Ao professor Derly José Henriques da Silva pela orientação, compreensão, amizade e pela sua incessante busca pela evolução como ser Humano.

Á minha noiva Ariane pelo apoio, compreensão e, sobretudo pelo amor.

Aos meus familiares que sempre torceram por mim.

Em especial agradeço aos meus pais e meu irmão, a quem devo tudo.

BIOGRAFIA

Bruno Garcia Marim, filho de Gisele Garcia Marim e Anuncio José Marim, nasceu em 21 de setembro de 1981, em Vitória, no estado do Espírito Santo. Em maio de 1999, iniciou o curso de Engenharia Agrônômica na Universidade Federal de Viçosa (UFV), concluindo-o em janeiro de 2004. Entre agosto de 2004 e fevereiro de 2006, ingressou e finalizou pós-graduação em nível de mestrado em Genética e Melhoramento pela Universidade Federal de Viçosa. Em 13 de fevereiro de 2006, ingressou no doutorado também no Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento da Universidade Federal de Viçosa, submetendo-se à defesa de tese em 02 de maio de 2011.

SUMÁRIO

	Página
RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1.0 - INTRODUÇÃO	1
2.0 - REVISÃO DE LITERATURA	4
2.1 - O TOMATEIRO	4
2.2 - NANISMO EM PLANTAS	8
2.3 – NANISMO EM TOMATEIRO	11
2.4 - EFEITO DOS GENES DE NANISMO NO CRESCIMENTO DAS PLANTAS COM ÊNFASE NA CULTURA DO TOMATEIRO	14
2.5 - ESTUDOS DE CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERES	16
2.5.1 - Herança oligogênica	17
2.5.2 - Herança poligênica	20
2.6 – CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES	23
2.7 – SELEÇÃO	24
3.0 – MATERIAL E MÉTODOS	26
3.1 – EXPERIMENTO ANÁLISE DE GERAÇÕES	26
3.1.1 – Germoplasma utilizado	26
3.1.2 - Obtenção das populações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$	27
3.1.3 - Cultivo das plantas das populações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$	28
3.1.4 - Características avaliadas	28
3.1.5 - Análises estatísticas	29
3.2 – EXPERIMENTO AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS F_6	31
3.2.1. Obtenção das famílias ou linhagens F_6	31
3.2.2. Cultivo das famílias F_6	31
3.2.3. Características avaliadas	31
3.2.4. Análises estatísticas	32
4.0 – RESULTADOS E DISCUSSÃO	33
4.1 – EXPERIMENTO ANÁLISE DE GERAÇÕES	33

4.1.1 – Controle genético do porte da planta, do hábito de crescimento e teste de segregação independente	33
4.1.1.1 – Porte da planta.....	33
4.1.1.2 – Hábito de crescimento	35
4.1.1.2 – Teste de segregação independente.....	37
4.1.2 – Controle genético de características morfoagronômicas	38
4.1.2.1 – Estudo genético das médias.....	38
4.1.2.2 – Estudo genético das variâncias	48
4.1.3 – Correlação entre características	51
4.2 – EXPERIMENTO AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS F6	553
4.2.1 – Análise de variâncias e comparação de médias	553
4.2.2 – Seleção entre famílias F6 anãs para massa total de frutos.....	55
5.0 – CONCLUSÕES.....	58
6.0 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	59

RESUMO

MARIM, Bruno Garcia, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, maio de 2011.
Herança do porte e do hábito de crescimento em tomateiro e seleção de plantas anãs para produtividade. Orientador: Derly José Henriques da Silva. Coorientadores: Leonardo Lopes Bhering e Moacil Alves de Souza.

Uma das estratégias que podem ser utilizadas para aumento da produtividade em plantas é a modificação de sua morfologia. O exemplo mais conhecido da utilização desta estratégia foi a incorporação de genes causadores de nanismo em plantas de trigo na década de 80. Neste sentido, várias subamostras anãs de tomateiro têm sido descritas em trabalhos caracterização morfológica realizados na Universidade Federal de Viçosa - UFV. No entanto, para sua exploração comercial no melhoramento é necessário estudos a respeito do controle genético, do efeito sobre outras características e a realização de cruzamentos visando a seleção de famílias superiores. Deste modo, os objetivos deste trabalho foram estudar o controle genético do porte da planta e de características morfológicas e agronômicas em tomateiro, conhecer a relação entre essas características e o porte da planta e selecionar famílias F_6 com porte anão para produção de frutos. Para o estudo das heranças foi realizado à análise de gerações, sendo utilizado como genitores uma subamostra do Banco de Germoplasma da UFV de porte anão e crescimento determinado e uma cultivar comercial de porte normal e crescimento indeterminado. O estudo da relação entre caracteres foi realizado utilizando os dados da população F_2 . As características avaliadas foram porte da planta, hábito de crescimento, comprimento da folha, comprimento do entrenó, diâmetro do entrenó, número total de frutos, massa total dos frutos e massa média dos frutos. A partir da população F_2 foi realizado o avanço de

gerações de famílias anãs pelo método Single Seed Descent até a obtenção de sementes F_6 , sendo então, realizado um experimento para seleção de famílias F_6 para a característica produção por planta. No estudo da herança verificou-se que o porte da planta e o hábito de crescimento são características governadas por apenas um gene cada sendo estes independentes, enquanto que as demais características são governadas por vários genes. Pelo estudo da relação entre caracteres na população F_2 observou-se que o porte da planta correlaciona-se positivamente e significativamente com as características comprimento da folha, comprimento do entrenó, número total de frutos, massa total de frutos e massa média dos frutos. Apesar disto, foi possível selecionar, na população F_6 , famílias anãs com produção similar à cultivar de porte normal.

ABSTRACT

MARIM, Bruno Garcia, D.Sc., Universidade Federal de Viçosa, May, 2011.
Inheritance of the size and of the growth habit in tomato and selection of dwarfish plants for productivity. Adviser: Derly José Henriques da Silva. Co-Advisers: Leonardo Lopes Bhering and Moacil Alves de Souza.

One of the strategies that can be used for increase of the productivity in plants is the modification of your morphology. The example more acquaintance of the use of this strategy was the incorporation of genes dwarfish in wheat plants in the decade of 80. In this sense, several dwarfish subamostras of tomato have been described in works morphologic characterization accomplished in the Universidade Federal de Viçosa. However, for your commercial exploration in the improvement are necessary studies regarding the genetic control, of the effect about other characteristics and the selection of superior families. This way, the objectives of this work went to study the genetic control of the load of the plant and of morphologic and agronomic characteristics in tomato, to know the relationship of those characteristics and the plant size and to select families F_6 with dwarfish for the characteristic production for plant. For study of the inheritances it was used to the analysis of generations, being used as genitors a access of the Germoplasm Bank of UFV of dwarfish stature and determinate growth and a to cultivate commercial of normal stature and indeterminate growth. The study of the relationship between characters was performed using the data of the F_2 population. The characteristics evaluated were plant size, growth type, leaf length, internode length, internode diameter, total fruit, total fruit yield and average fruit weight. From the F_2 population was made the advance of generations of families dwarf the single seed descent method to obtain seeds F_6 , and then performed an experiment to select families for the F_6 feature production per plant. In the study

of the inheritance was found that the size and type of plant growth are characteristics governed by a single gene and these each independent, while other characteristics are governed by several genes. By studying the relationship between characters in the F_2 population to be observed that the plant size correlates positively and significantly with the characteristic leaf length, internode length, total fruit number, total mass of fruits and average fruit weight. Nevertheless, it was possible to select F_6 population, dwarf families with similar yield to the normal-sized cultivar.

1.0 - INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma planta herbácea, pertencente à família Solanácea, e originária da Cordilheira dos Andes, mais especificamente da vertente do Oceano Pacífico, entre o Equador e o Chile (Rick, 1979; Warnock, 1988). Apesar de sua origem andina, o tomateiro é cultivado praticamente no mundo todo, sendo a China, os Estados Unidos e Turquia os maiores produtores mundiais (AGRIANUAL, 2010).

No Brasil, o tomateiro é uma das hortaliças mais importantes, sendo destaque nos aspectos econômicos, sociais e ambientais. Em termos econômicos a cultura do tomateiro movimenta, apenas no setor de sementes, mais de 80 milhões de reais anualmente. Se for considerada toda cadeia produtiva, o agronegócio do tomate movimenta, por ano, no Brasil, mais de dois bilhões de reais (ABCSEM, 2008).

Socialmente, a cultura do tomateiro, destaca-se por possuir uma das maiores taxas de trabalhadores empregados por hectare.ano⁻¹. Estão envolvidos, na cultura no Brasil, mais de 10.000 produtores, com aproximadamente 300.000 pessoas trabalhando diretamente na produção desta hortaliça (ABCSEM, 2008).

Já em termos ambientais o destaque da cultura do tomateiro é negativo. A cultura exige a utilização de grandes quantidades de insumos agrícolas que, associados à sua má utilização e sem recomendação técnica, tem causado prejuízos ao produtor, à saúde pública e ao meio ambiente (Melo, 2003).

Apesar da grande importância do tomateiro, sua produtividade média, entre 50 e 60 t/ha, é relativamente baixa (AGRIANUAL, 2010), pois são inúmeros os relatos na literatura (Aragão *et al.*, 2004; Guimarães *et al.*, 2002;

Machado *et al.*, 2003) e de produtores (ABCSEM, 2008), que alcançaram rendimento superior a 100 toneladas por hectare.

Uma das estratégias que podem ser utilizadas para aumento da produtividade em plantas é a modificação de sua morfologia. O exemplo mais conhecido da utilização desta estratégia foi a incorporação de genes causadores de nanismo em plantas de trigo na década de 80 (Araus *et al.*, 2004). Esta modificação implicou no aumento da produtividade desta cultura em várias regiões do mundo. Segundo Camargo (1984) as grandes produções da cultura do trigo irrigado, obtidas em muitos países, resultaram do desenvolvimento de cultivares de porte anão, que permitiram a redução do espaçamento e a utilização de elevados níveis de adubações sem a ocorrência de acamamento.

Para a cultura do arroz a redução da altura ou altura da planta também trouxe como maior benefício a redução do espaçamento e do acamamento das plantas (Rutger e Peterson, 1976). Já na cultura do milho, a redução da altura da planta associada à redução do ângulo de inserção das folhas ao colmo e do tamanho das folhas, aumentaram a tolerância da cultura ao estresse causado pelo uso de altas densidades implicando no aumento da produtividade (Argenta *et al.*, 2001).

No caso do tomateiro, plantas mais compactas, ou seja, com menor comprimento da folha e do entrenó, devem ser um dos objetivos dos programas de melhoramento do tomateiro destinados à indústria (Melo e Vilela, 2005), uma vez que, estas são mais adequadas à colheita mecanizada (Carvalho *et al.*, 2003). Por outro lado, para o cultivo do tomateiro destinado ao consumo *in natura*, a redução da altura da planta permite a diminuição do gasto com mão-de-obra e insumos, principalmente defensivos (Campos *et al.*, 1987; Oliveira *et al.*, 1995).

Neste sentido, subamostras de tomateiro com porte anão têm sido identificadas nos trabalhos de caracterização do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa (BGH-UFV). Uma dessas subamostras, codificada como BGH 1989, destacou-se por possuir altura extremamente baixa (Marim *et al.*, 2009), sendo, portanto, considerada fonte de variabilidade genética para porte da planta do tomateiro.

Contudo, para exploração desta variabilidade é necessário a realização de estudos a respeito da característica porte da planta do tomateiro,

notadamente em relação ao porte da planta verificado na subamostra BGH 1989.

Sendo assim, os objetivos deste trabalho foram:

- Estudar a herança do porte e o hábito de crescimento da planta;
- Estudar a herança de características morfológicas e de características agronômicas;
- Conhecer a relação existente entre o porte da planta e algumas características morfoagronômicas;
- Selecionar famílias anãs produtivas e analisar a possibilidade de sua exploração comercial.

2.0 - REVISÃO DE LITERATURA

2.1 - O TOMATEIRO

O tomate cultivado (*Solanum lycopersicum* L.) originou-se da espécie silvestre *S. lycopersicum* L. var. *cerasiforme* e é uma das 9 espécies pertencentes ao gênero *Solanum* (Rick, 1979; Warnock, 1988; Peralta e Spooner, 2000). Todas as espécies de tomateiro são nativas da parte ocidental da América do Sul, compreendendo um estreito território limitado ao norte pelo Equador, ao sul pelo norte do Chile, a oeste pelo Oceano Pacífico e a leste pela Cordilheira dos Andes (Rick, 1979).

Da América do Sul foi levado primeiramente para o México, onde foi domesticado e recebia o nome “tomatl”. No século XVI, por volta de 1554, foi levado para a Europa, sendo utilizado inicialmente como planta ornamental. Acredita-se que os italianos tenham sido os primeiros a utilizar seus frutos na alimentação humana, já em meados do século XVIII (Giordano e Ribeiro, 2000).

No Brasil, sua introdução ocorreu por meio de imigrantes europeus, no fim do século XIX; porém, o incremento no seu uso e produção se deu apenas após a Primeira Guerra Mundial. Naquela época, as variedades cultivadas eram conhecidas com o nome de Redondo Japonês, Rei Humberto e Chacareiro. Admite-se que um híbrido natural entre essas variedades tenha surgido dando origem as cultivares do grupo Santa Cruz (Alvarenga, 2004).

Pertencente à família Solanaceae, o tomateiro é uma planta dicotiledônea, herbácea, com caule flexível e incapaz de suportar o peso dos frutos e manter-se na posição vertical. Embora sendo planta perene, a cultura é anual; da sementeira até a produção de novas sementes o ciclo se aproxima

de quatro meses, com um período de um a três meses de colheita dependendo das condições de cultivo. A floração e a frutificação ocorrem juntamente com o crescimento vegetativo. As folhas, pecioladas, são compostas por número ímpar de folíolos (Filgueira, 2000).

O tomateiro apresenta dois hábitos de crescimento distintos: indeterminado e determinado. O hábito de crescimento indeterminado ocorre na maioria das cultivares utilizadas para a produção de frutos para mesa. Ocorre dominância da gema apical sobre as gemas laterais, ou seja, o caule ou haste principal cresce mais que as ramificações laterais. O crescimento vegetativo da planta é vigoroso e contínuo, juntamente com a produção de flores e frutos. Já o hábito de crescimento determinado ocorre nas cultivares desenvolvidas, principalmente, para a cultura rasteira, com finalidade agroindustrial. As plantas atingem apenas 1,0 m e sua haste principal termina em inflorescência. Há crescimento vegetativo menos vigoroso, as hastes crescem mais uniformemente e a planta assume a forma de uma moita (Filgueira, 2000).

O tomateiro cultivado é uma planta autógama, com menos de 5% de fecundação cruzada. As flores agrupam-se em cachos e são hermafroditas, pequenas, com corola e anteras amarelas; tem cinco estames livres, cujas anteras se soldam formando um cone que envolve o estigma. O pólen é liberado pelas fendas laterais das anteras, no interior do cone, e é conduzido por gravidade para a extremidade, polinizando assim o estigma e dificultando, desse modo, a fecundação cruzada (Melo e Ribeiro, 1990).

Os frutos são bagas carnosas, suculentas, com aspecto, tamanho e peso variados, conforme a cultivar; são compostos de película (casca), polpa, placenta e sementes sendo divididos internamente em lóculos, que podem ser em número de dois a oito (ou até mais), dependendo da cultivar, nos quais se alojam as sementes, imersas na mucilagem da placenta (Filgueira, 2000).

As cultivares e híbridos de tomate mais plantados podem ser divididos em cinco grupos, sendo quatro deles destinados para consumo *in natura* e um para a indústria. Estes grupos são comumente conhecidos como: Grupo Santa Cruz, Grupo Salada (inclui Grupo Saladinha), Grupo Italiano, Grupo Cereja e Grupo Indústria (Alvarenga, 2004; Filgueira, 2000).

Até a década de 1990 predominavam, no mercado brasileiro, cultivares do grupo Santa Cruz. Este grupo se caracteriza por frutos bi e triloculares, com

diâmetro transversal semelhante ao longitudinal. A cultivar Santa Cruz original possuía frutos com peso entre 70 e 80g (Melo e Ribeiro, 1990) e crescimento indeterminado, no entanto, atualmente, as cultivares deste grupo produzem frutos de 120 a 180 gramas e podem apresentar tanto crescimento determinado quanto indeterminado, com maior predominância deste último (Alvarenga, 2004).

O grupo Salada, também chamado de tomate-caqui, tomate maçã ou tomatoão apresenta as seguintes características: as plantas podem apresentar hábito de crescimento indeterminado ou determinado; os frutos são pluriloculares, com quatro ou mais lóculos, apresentando formato globular achatado, com diâmetro transversal maior que o diâmetro longitudinal, graúdos, com peso unitário acima de 250 gramas, podendo chegar até 500 gramas, de coloração vermelha ou rosada; quanto ao sabor, a maioria das cultivares e híbridos apresentam os frutos menos ácidos que os tomates do grupo Santa Cruz (Alvarenga, 2004).

O Grupo Saladinha é apresentado por diversos autores como parte do grupo Salada, sendo atualmente o grupo mais cultivado no Brasil (ABCSEM, 2008). Didaticamente, sugere-se um grupo à parte, diante do menor tamanho dos frutos, em relação ao grupo Salada. Algumas cultivares e híbridos desse grupo surgiram do cruzamento de materiais do Grupo Santa Cruz e do Grupo Salada. Entretanto, a maioria dos híbridos e cultivares têm origem na seleção de materiais do grupo Salada. Os frutos do grupo Saladinha possuem formato globular achatado, são pluriloculares, de cores vermelhas intensas, peso entre 150 e 250 gramas e hábito de crescimento indeterminado ou determinado. Portanto, tem as mesmas características do grupo Salada, diferindo apenas no tamanho do fruto (Alvarenga, 2004).

O grupo denominado “Italiano”, “Saladete” ou “San Marzano” é um segmento de mercado de tomate que vem progressivamente ganhando destaque nos últimos anos. Cultivares que pertencem a este segmento se caracterizam por apresentarem frutos alongados, de sabor adocicado (bom equilíbrio da relação ácido/açúcar), textura e aroma agradáveis, cor vermelha intensa e maturação uniforme dos frutos, podendo ser utilizados para consumo “in natura” e para produção de tomate seco (Alvarenga, 2004; Filgueira, 2000).

Já o grupo Cereja é caracterizado por cultivares de crescimento indeterminado, que produzem frutos pequenos redondos ou oblongos, pesando

entre 10 e 30 g e com número de frutos/penca variando de 15 a 50 (Filgueira, 2000). Esses frutos, ultimamente, têm apresentado uma demanda crescente, sendo utilizado na ornamentação de pratos, bem como em restaurantes (Alvarenga, 2004). O tomateiro do grupo cereja, caracterizado pela produção de frutos pequenos, difere completamente dos objetivos da produção dos demais grupos onde se preconiza frutos graúdos como característica desejável (Marim *et al.*, 2005).

As cultivares e híbridos do grupo Indústria apresentam hábito de crescimento determinado, sendo cultivadas sem tutoramento, ciclo de 100 a 130 dias, maturação concentrada, sendo a colheita efetuada num período de 30 dias; os frutos apresentam coloração vermelha intensa, interna e externamente, polpa espessa e poucas sementes, devendo também apresentar alto teor de sólidos solúveis, idealmente entre 5,5 a 6,0 %, maior acidez, com pH menor que 4,4 e resistência ao transporte (Giordano *et al.*, 2000). A maior precocidade, menor número de “apanhas” na colheita e boa rusticidade são as principais características agronômicas das cultivares pertencentes ao grupo indústria (Alvarenga, 2000).

2.2 - NANISMO EM PLANTAS

O caso mais famoso da utilização do nanismo em plantas foi em trigo, que inclusive deu ao Agrônomo Norman Ernest Borlaug o Prêmio Nobel da Paz pela sua contribuição à paz mundial através do aumento da produção de alimentos (Araus *et al.*, 2004).

A utilização do nanismo implicou, indiretamente, no aumento da produtividade da cultura do trigo em várias regiões do mundo. Segundo Camargo (1984) as grandes produções da cultura do trigo irrigado, obtidas em muitos países, resultaram do desenvolvimento de cultivares de porte anão ou semi-anão, que permitiram aumento na densidade de plantio associado à altas adubações sem a ocorrência de acamamento lavoura.

Em trigo a altura é considerada um caráter controlado por genes de grande efeito, simbolizados pela sigla *Rht* (*Reduction Height*), denominados genes de nanismo, que foram identificados inicialmente na variedade japonesa “Norin 10” (Gale *et al.*, 1981). A identificação de genótipos portadores destes genes pode ser efetuada por meio da avaliação da insensibilidade ao ácido giberélico. Os genes que controlam essa insensibilidade têm sido simbolizados por *Gai 1* e *Gai 2*, sendo a associação entre o caráter insensibilidade ao ácido giberélico e o caráter altura de planta observados por Allan *et al.* (1959), Gale e Gregory (1977), Federizzi *et al.* (1988), Canci *et al.* (1997), Dornelles *et al.* (1997), entre outros.

A resposta diferenciada ao ácido giberélico em genótipos de trigo foi primeiramente descrita por Allan *et al.* (1959), quando compararam genótipos normais e de altura reduzida e estes foram insensíveis à aplicação de ácido giberélico. Sendo assim, a identificação de genótipos portadores dos genes que exibem altura reduzida pode ser efetuada em plantas jovens, facilitando, desta forma, o trabalho dos melhoristas.

Os caracteres altura de planta, inserção de primeira e segunda folha, diferença entre a inserção da primeira e segunda folha, comprimento da segunda folha, aspecto clorótico visual da plântula e comprimento do coleóptilo têm sido empregados como critérios de avaliação da sensibilidade ao ácido giberélico por vários pesquisadores (Gale e Gregory, 1977; Federizzi *et al.*, 1988; Canci *et al.*, 1997). Além disso, a dose de 100mg L⁻¹ tem sido reportada

como a de melhor resultado em trabalhos feitos com trigo, com a aplicação exógena de ácido giberélico (Allan et al., 1959; Federizzi et al., 1988; Dornelles et al., 1995, Bertan et al, 2005; Silva et al., 2006).

Para a cultura do arroz e da cevada a redução da altura da planta também trouxe como benefício direto a redução do acamamento da planta, implicando indiretamente em aumento de produtividade (Bierbiger, 1968; Rutger e Peterson, 1976).

Em arroz, também, são conhecidos inúmeros genes causadores de nanismo. Algumas variedades, por exemplo, possuem o gene d1, recessivo ao gene D1 ou d⁺, que além da redução da altura da planta proporcionam folhas largas e verde escuras, panículas compactas, grãos curtos e redondos. Este gene também implica em insensibilidade à giberelina da planta, o que pode facilitar, assim como no trigo, sua identificação em populações segregantes.

Já na cultura do milho, a redução da altura da planta associada à redução do ângulo de inserção das folhas ao colmo e do tamanho das folhas, proporcionou, principalmente, aumento da tolerância da cultura ao estresse causado pelo uso de altas densidades e conseqüente aumento da produtividade. Verificou-se também a redução do acamamento e quebramento das plantas, e, por conseguinte, redução das perdas (Argenta et al., 2001).

A idéia de obtenção de plantas de milho de altura baixa, não é nova. Neste sentido, o uso de genes de nanismo tem sido uma alternativa, sendo o gene br-2 (braquíptico 2), de efeito recessivo, mais favorável para a obtenção de populações de altura baixa sem alteração em características como vigor e produtividade (Zanette e Paterniani, 1992).

Em plantas, segundo Cook (1915) e Kempton (1920), o termo “braquitismo” foi proposto para caracterizar o encurtamento dos entrenós abaixo da espiga, sem corresponder à redução de outras partes da planta. No milho o gene br-2 condiciona a planta ao braquitismo, devido à presença de um tipo diferente de giberelina, menos ativa na promoção do crescimento (Glaston e Davies, 1972).

Muitos trabalhos demonstraram ser possível alcançar produtividades superiores com a utilização de milhos braquípticos sob altas populações em comparação à milhos normais (Sokolov e Domasnev, 1968; Ortiz-Cereceres et al., 1973; Paterniani, 1982). Além disto, milhos braquípticos possuem maior

tolerância à seca, provavelmente devido ao maior desenvolvimento radicular (Campbel, 1965).

Vale ressaltar que, assim como em populações normais de milho e de outras culturas, em populações braquíticas, existe correlação positiva de magnitude média a elevada entre a altura da planta e a produtividade. Neste sentido, o indicado é a seleção, dentro de populações braquíticas, de plantas mais altas, com boa produção e com baixas taxas de acamamento e quebramento (Valva e Paterniani, 1976).

Em plantas perenes a exploração do nanismo também é uma realidade como é o caso das frutíferas e do cafeeiro. Nessas culturas o porte reduzido permitiu o plantio em espaçamentos menores, além de facilitar as operações de colheita e tratamentos fitossanitários (Hansche et al., 1979; Carvalho et al., 1984).

No caso do café, verificou-se que três genes dominantes (Ct, Sb e Sr) estão envolvidos na redução da altura das plantas. Plantas que possuem o gene Ct são insensíveis à aplicação de ácido giberélico. Já aquelas possuidoras dos genes Sb e Sr, respondem significativamente, com acentuada alongação dos entrenós (Carvalho et al., 1984).

2.3 – NANISMO EM TOMATEIRO

O nanismo no tomateiro, como em diversas culturas, tem sido pesquisado desde o início do século passado. Normalmente a ocorrência do nanismo em plantas esta relacionada à expressão de um ou poucos genes (Pelton, 1964; Camargo, 1984). No caso do tomateiro a primeira descrição completa foi realizada por Prince e Drinkard (1908). Estes autores identificaram um gene denominado *d* ou *d₁*, cuja sigla é derivada da palavra dwarf (anão em inglês).

A partir deste relato, outros genes de nanismo em tomateiro foram identificados. A maioria dos alelos que condicionam nanismo no tomateiro é recessiva ao alelo que condiciona plantas de tamanho normal com ocorrência de interação gênica do tipo dominância completa e em alguns casos dominância parcial (Barton *et al.*, 1955; Butler, 1952; Clayberg *et al.*, 1960, Pelton, 1964). Pelo menos 20 genes são conhecidos como causadores de nanismo no tomateiro. Alguns exemplos, e seus fenótipos são:

br - Brachytic: plantas com entrenó curto. Na sexta semana após a germinação as plantas homozigotas recessivas apresentam metade do tamanho das normais e das heterozigotas, além de maior número de brotações;

bu – Bushy: plantas homozigotas para *bu* são similares à brachytic, mas com mais brotações e com os folíolos mais distanciados no pecíolo;

d ou *d₁* – Dwarf: plantas homozigotas para *d* apresentam hipocótilos curtos, cotilédones mais largos, entrenós curtos, hastes grossas e folíolos rugosos;

de – Declinata: grande redução em tamanho em todas as partes da planta, folhas com coloração amarelo-esverdeado, folíolos enrolam para baixo;

depa – Depauperata: plantas muito pequenas com entrenós curtos, folíolos curvados, com coloração variável mas geralmente amarelados;

dm ou *d₂* - Dwarf modifier: em plantas dwarf (*dd*), o gene *dm* gera um tipo extremo de nanismo, com crescimento mais vertical. Em plantas normais o gene *dm* não possui efeito;

d^x – Extreme dwarf: efeito semelhante ao gene *d*, mas com maior intensidade em todos os aspectos. Crescimento é muito lento e fertilidade moderada. Recessivo para *d* e *d⁺*;

dv – Dwarf virescent: plantas anãs apresentando coloração verde claro nos pontos de crescimento;

d₁^{cr} – Dwarf-1^{crispata}: fenótipo intermediário entre *d* e *d^x*;

er – Erecta: plantas anãs bastante compactas, entrenós curtos, folhas pequenas e rugosas, heterozigoto intermediário;

mt – Midget: plantas com todas partes reduzidas e elevada esterilidade;

na – Nana: planta extremamente pequena com folhas e entrenós curtos;

nc – Narrow cotyledon: plantas apresentam cotilédones com metade do tamanho normal, tendo seu crescimento lento e tamanho final reduzido;

pum – Pumila: planta minúscula, planta delicada com poucas ou nenhuma ramificação, crescimento lento;

rust – Rústica: plantas anãs com entrenós curtos, folhas largas, com poucas ramificações;

sd – Sun dwarf: entrenós muitos curtos e cicatrizado sob intensidade luminosa elevada, heterozigoto intermediário;

sub – Subtilis: planta minúscula com entrenós curtos, e segmentos das folhas curtos;

w – Wiry: plantas homozigotas são anãs com folhas similares ao de plantas normais com sintomas de virose do tipo mosaico;

wd – Wilty dwarf: plantas raquíticas com folhas verdes acinzentadas e caídas.

A redução da altura da planta permite para o cultivo do tomateiro destinado ao consumo in natura, a diminuição do gasto com mão-de-obra e insumos, principalmente defensivos (Campos et al., 1987; Oliveira et al., 1995). Além disto, plantas mais compactas, ou seja, com menor comprimento da folha e do entrenó, devem ser um dos objetivos dos programas de melhoramento do tomateiro destinados à indústria, uma vez que são mais adequadas à colheita mecanizada (Tigchelaar, 1986; Carvalho et al., 2003; Melo e Vilela, 2005).

Alguns trabalhos de melhoramento visando à incorporação de genes de nanismo em novos cultivares de tomate foram realizados. A grande maioria está relacionada a exploração do nanismo para a geração de cultivares

ornamentais (Martí et al., 2006; Scott e Harbaugh, 1995 ; Scott et al., 2004; Lima et al., 2004). Estes cultivares normalmente possuem outros genes que permitem a geração de plantas extremamente pequenas e ciclo precoce, podendo ser cultivados em vasos ou potes como plantas ornamentais. Além disto, pela facilidade de condução e pelo ciclo curto, estes cultivares, também, tem sido muito utilizados em trabalhos com transformação genética (Sun et al., 2006; Emmauel e Levy, 2002; Matsukura et al., 2008; Mamidala e Nanna, 2009; Bishop et al., 1996).

Com relação à utilização do nanismo em cultivares para produção de frutos, Kemble et al. (1994) avaliaram, nos Estados Unidos, a produção e lucratividade de uma linhagem anã melhorada e de um cultivar de porte normal em vários espaçamentos. Sob altas densidades a linhagem anã foi mais produtiva que a cultivar de porte normal, mas a maior produtividade geral foi alcançada pela cultivar de porte normal sob espaçamento tradicional. Com relação à lucratividade, estes autores afirmaram que é possível obter resultados semelhantes entre o plantio adensado da linhagem anã e o plantio tradicional da cultivar de porte normal, vislumbrando ser vantajoso o plantio da linhagem anã, principalmente pela maior precocidade da produção.

Já no trabalho de Adelana (1976) a cultivar de porte anão Pusa Early Dwarf foi mais produtiva em todas as densidades de plantio testadas quando comparadas a três cultivares de porte normal. No entanto, a produtividade média obtida neste experimento, 35t.ha^{-1} , foi aproximadamente a metade da produtividade obtida no experimento de Kemble et al. (1994).

Mais recentemente dois trabalhos de melhoramento foram realizados visando a incorporação de genes de nanismo no tomateiro cultivado. No primeiro, Yukio e Kiyoshi (2001) avaliaram diferentes fontes de nanismo utilizadas no melhoramento do tomate cereja, recomendando a utilização do gene “bu”, devido à possibilidade de identificação precoce das progênes anãs. Apesar da redução da produção, estes autores afirmaram que a utilização do gene de nanismo possibilita redução do custo com tutoramento e maior produção de cachos por planta.

Por outro lado, trabalhando no melhoramento do tomate tipo uva, Gardner (2007) utilizaram o gene “br” como fonte para redução da altura da planta. Neste trabalho o grande objetivo foi a obtenção de linhagens anãs com excelente qualidade dos frutos e resistência múltipla à doenças.

2.4 - EFEITO DOS GENES DE NANISMO NO CRESCIMENTO DAS PLANTAS COM ÊNFASE NA CULTURA DO TOMATEIRO

Vários trabalhos que versam sobre os efeitos dos genes de nanismo sobre o crescimento foram realizados em diversas angiospermas. Nestes trabalhos foram estudados a divisão, a elongação e as mudanças na diferenciação celular ou a combinação destes fatores (Pelton, 1964).

Em tomateiro, verificou-se menor divisão das células da região do meristema apical (Blindloss, 1942) e menor comprimento médio das células da epiderme das raízes (Lee, 1958), além de alterações na diferenciação celular (Pelton, 1964). Também em diversas espécies foram constatadas mudanças nas três fases do crescimento celular em plantas anãs quando comparadas com plantas normais.

A regulação genética do metabolismo pode ser investigada comparando indicadores fisiológicos, como a respiração, a clorofila total e o conteúdo de peroxidase, em plantas anãs e normais simultaneamente.

A maioria dos aspectos relacionados com a respiração são similares em plantas anãs e normais, no entanto, maior estímulo ao consumo de oxigênio pelo succinato durante o desenvolvimento da plântula em genótipos normais foi verificado.

Já com relação ao conteúdo de clorofila, verificou-se expressiva diferença entre plantas anãs e normais, existindo maiores quantidades em plantas anãs, o que está relacionado com a coloração mais escura de folhas de plantas de anãs em tomateiro. Além disto, também se verificou maior conteúdo de peroxidase em folhas de plantas anãs.

Apesar da ocorrência de diferenças em nível celular, entre plantas anãs e plantas normais, é notório que estas diferenças se tornam mais perceptíveis ao longo do crescimento. Em plantas de tomateiro portadoras do gene *bu*, Young e MacArthur (1947) verificaram cotilédones menores em comparação ao de plantas normais, assim como, redução dos três primeiros entrenós.

Segundo Pelton (1964), a variação ocorrida em nível celular pelos genes de nanismo é facilmente perceptível em um órgão maduro. Todos os órgãos (raízes, caule, folha, flores e frutos) maduros em plantas anãs foram comparados com os de plantas normais em vários trabalhos.

Obviamente, a redução dos entrenós é responsável pelo chamado nanismo em tomateiro, como relatado por vários autores (Barton et al., 1955; Butler, 1952; Clayberg et al., 1960; Pelton, 1964; Young and MacArthur, 1947; Yukio e Kiyoshi, 2001), sendo alvo de estudo da maioria dos trabalhos. No entanto, Lee (1958) verificou redução no tamanho das raízes causadas pelos genes *wd* e *d*. Também foram verificadas reduções no comprimento e na largura das folhas e do cone de anteras, no tamanho do fruto, na produção por planta e escurecimento das folhas (Rick, 1952).

Modificações do ângulo foliar em relação ao caule, também são frequentemente relatadas em trabalhos de caracterização de plantas anãs (Eyster, 1934; Li, 1933; Rick, 1952; Plummer e Tomes, 1958).

Os genes de nanismo interferem não apenas as taxas de crescimento, mas também a regulação dos hormônios de plantas. Neste sentido, experimentos utilizando genes de nanismo também são muito importantes para o entendimento da genética envolvida na regulação dos hormônios (Pelton, 1964).

Os hormônios são essenciais para o controle e ordenação de vários eventos relacionados ao crescimento das plantas. A detecção de diferenças hormonais entre plantas anãs e plantas normais é uma evidência da participação do loco na regulação do hormônio. Além disto, a alteração diferenciada em plantas anãs e normais sobre efeito de hormônios exógenos também evidenciam este fato. Assim, muitos experimentos foram e têm sido realizados com o objetivo de avaliar as diferenças hormonais, principalmente auxinas e giberelinas, causadas pelos genes de nanismo (Hicks et al., 1989; Kelly e Bradford, 1986; KOORNNEEF et al., 1990; Zobel, 1991).

2.5 - ESTUDOS DE CONTROLE GENÉTICO DE CARACTERES

Os caracteres são atributos utilizados para determinar e identificar, ou seja, definir uma população qualquer ou simplesmente um indivíduo (Cruz, 2005). Se o caráter possui herança oligogênica, isto é, controlado por poucos genes e pouco influenciado pelo ambiente, sua manipulação num programa de melhoramento por hibridação é mais fácil, já que o cruzamento realizado é, normalmente, do genótipo portador do alelo de interesse com outro que apresenta caracteres agrônômicos desejáveis. Entretanto, se o caráter é poligênico, ou seja, controlado por muitos genes e muito influenciado pelo ambiente, os cruzamentos devem ser realizados de tal maneira que seja possível a obtenção de populações segregantes com média alta, associada a suficiente variabilidade genética para o caráter sob seleção.

Em geral, as características de maior relevância econômica para programas de melhoramento vegetal apresentam a expressão governada por muitos genes de pequeno efeito (ZOBEL & JETT, 1995). Embora os princípios genéticos de segregação das características métricas sejam mendelianos, a identificação da segregação individual dos genes é complexa (CRUZ et al. 2004), fazendo com que a média e a variância da distribuição dos valores métricos sejam essenciais para o estudo da herança e a variação destas características (LYNCH & WALSH, 1998). A interpretação genética dos modelos biométricos pressupõe a herança governada por inúmeros genes de efeito pequeno e equivalentes para a expressão da característica (FALCONER, 1987).

Por sua vez, as características de expressão governadas por poucos genes de maior efeito têm-se mostrado importantes na condução dos programas de melhoramento de várias culturas, com destaque para a resposta de resistência de plantas a algumas doenças (ALZATE-MARIN et al. 2005; VIJAYALAKSHMI et al. 2005; ALFENAS et al. 2004; JUNGHANS et al. 2003; YU et al. 2000). As características oligogênicas possuem padrão de herança mendeliano governado por dois, três ou mais genes de interação epistática, podendo ser alocadas em classes (FALCONER, 1987).

A caracterização do padrão da herança é um dos pontos mais importantes para a manipulação dos componentes hereditários e da fração

herdável, uma vez que as estratégias de seleção para estudo genético são bastante contrastantes de acordo com a natureza da característica: se monogênica, oligogênica ou quantitativa (CRUZ et. al., 2004).

2.5.1 - Herança oligogênica

Um dos pontos mais importantes para o estudo das características de distribuição discreta é o teste de hipótese genética que permite, com uma margem de erro, concluir a respeito do padrão predominante da segregação: se governada por um, dois ou mais genes e o tipo de interação predominante (LIU, 1997). Neste contexto, define-se como hipótese genética o mecanismo de herança mais provável de uma característica baseado na avaliação dos dados disponíveis até o momento.

Dois tipos de erros estão associados a um teste de hipótese. O erro tipo I que pode ser definido como a rejeição da hipótese nula quando esta é verdadeira e o erro tipo II, que pode ser definido como a aceitação da hipótese nula quando esta é falsa (LIU, 1997).

O teste de qui-quadrado (χ^2) tem se mostrado bastante prático e eficiente para o teste de hipóteses de padrões de segregação, uma vez que considera os desvios ocorridos entre valores previstos e observados e o número de observações avaliado (SCHUSTER & CRUZ, 2004). Para a execução do teste são comparados os valores do qui-quadrado calculado ($\chi^2_{\text{calculado}}$) e do qui-quadrado tabelado (χ^2_{tabelado}), sendo o primeiro obtido a partir de dados experimentais, segundo a expressão apresentada a seguir:

$$\chi^2_{\text{calculado}} = \sum_i^n \left[\frac{(O_i - E_i)^2}{E_i} \right] \text{ em que,}$$

Nesta expressão O_i e E_i representam, respectivamente, os valores observados e esperados para a i -ésima classe fenotípica.

O χ^2_{tabelado} é obtido a partir da informação do número de graus de liberdade associado à hipótese genética testada e do nível de significância desejado. O grau de liberdade é igual ao número de classes fenotípicas (n)

menos o número de informações amostrais necessárias para estabelecer os valores esperados. De maneira geral, esses valores esperados são estabelecidos, para dada hipótese de segregação, necessitando-se apenas do conhecimento do tamanho da amostra, assim, os graus de liberdade são dados por $n-1$. A decisão a respeito da não rejeição da hipótese genética de segregação é feita da seguinte maneira:

Se $\chi^2_{\text{calculado}} \geq \chi^2_{\text{tabelado}}$, rejeita-se H_0 .

Se $\chi^2_{\text{calculado}} < \chi^2_{\text{tabelado}}$, não se rejeita H_0 .

H_0 refere-se à hipótese formulada a respeito do caráter que se está estudando.

Apesar de normalmente ser preestabelecido um nível de significância, isto é questionável, pois seu valor não leva em consideração a característica que está sendo estudada nem a qualidade dos dados experimentais. Assim, o mais apropriado é tornar o nível de significância uma incógnita a ser estimada, a partir do qual possam ser tomadas as decisões sobre as hipóteses, além de permitir a comparação de resultados obtidos em diferentes ensaios.

O teste qui-quadrado é sensível ao tamanho da amostra, ou seja, quanto maior for o tamanho da amostra, menor deverá ser o desvio para a não rejeição da hipótese nula. Um número reduzido de observações pode resultar na impossibilidade da discriminação de uma ou mais hipóteses genéticas. Determinadas hipóteses genéticas podem ser de discriminação bastante dificultada, sendo necessária, em casos mais complicados, a análise de milhares de indivíduos.

Neste contexto, denomina-se segregação ambígua a impossibilidade de discriminação de duas ou mais hipóteses genéticas, e se caracteriza pela não rejeição simultânea de duas ou mais hipóteses de segregação gênica. A probabilidade de ocorrência de segregação ambígua entre hipóteses genéticas distintas é inversamente proporcional ao número de indivíduos avaliados e à dissimilaridade dos padrões.

LIU (1997) apresenta metodologia desenvolvida por Bailey (1961) que permite a estimação do número de eventos necessários para a discriminação de duas hipóteses genéticas considerando a distribuição de χ^2 e um nível crítico associado. A obtenção do estimador considera dois padrões de

segregação diferentes, definidos por x e y , e a frequência observada nas classes definidas por a e b , quantifica o número de indivíduos necessários para discriminar duas hipóteses genéticas de segregação:

$$n \geq \left[\frac{1 + \sqrt{xy}}{\sqrt{x} + \sqrt{y}} \right]^2 \chi_{\alpha,1}^2$$

em que,

x : frequência observada da classe a

y : frequência observada da classe b

O teste de Bailey permite estimar o número mínimo de observações que deve ser avaliado para discriminar par a par cada uma das hipóteses genéticas com determinada probabilidade de erro. As distribuições de probabilidade são tão semelhantes quanto maior a similaridade dos padrões de segregação comparados.

A avaliação dos dados desse teste permite observar que a separação categórica das hipóteses genéticas 3:1 de 13:3 necessita da análise de aproximadamente 666 observações, chegando ao extremo na distinção das hipóteses 9:7 de 27:37, da necessidade de mais de 15.000 observações (Tabela 1).

Tabela 1: Número de indivíduos necessários para discriminação das hipóteses genéticas produzidas pela segregação de um, dois e três genes, com efeito, epistático¹.

	1:1	3:1	15:1	9:7	13:3	63:1	27:37
1:1		54	12	974	32	7	619
3:1			50	95	666	22	112
15:1				15	99	235	17
9:7					49	9	15146
13:3						35	55
63:1							9
27:37							

¹Adaptado de Rocha et al., 2008.

O elevado número de indivíduos necessários para a discriminação entre algumas hipóteses pode ser considerado injustificável e de condução

praticamente impossível na maioria das situações. Limitações de natureza prática contribuem para que o número entre 50 e 200 indivíduos esteja próximo da capacidade de avaliação e que alternativas devem ser consideradas visando a um aumento na confiabilidade dos testes de segregação.

À disposição dos melhoristas existem várias configurações de cruzamentos controlados e populações que podem ser utilizadas para distinção em casos de segregação ambígua. Os cruzamentos mais explorados nos programas de melhoramento vegetal são: cruzamentos controlados entre pais contrastantes, cruzamentos-teste, retrocruzamentos, autofecundações e também a análise de cruzamentos ao acaso.

Desta forma, a análise simultânea de uma rede de cruzamentos planejados visando avaliar a segregação dos fatores responsáveis pela herança da característica em famílias aparentadas por meio da avaliação de genitores interconectados é uma opção para a determinação da hipótese genética mais adequada.

2.5.2 - Herança poligênica

Por sua natureza complexa e pela importância que apresentam, tanto do ponto de vista evolutivo quanto do melhoramento genético, os caracteres quantitativos são muito estudados, porém nem sempre bem compreendidos (Coelho, 2000). Os modelos propostos para elucidar seu controle genético são extremamente simplificados, se consideradas as intrincadas e complexas vias biossintéticas que levam à sua expressão, que depende, adicionalmente, do efeito proporcionado pelo ambiente.

Nos estudos genéticos de caracteres quantitativos adota-se o modelo básico $F = G + M$, em que F é o valor fenotípico, medido nos indivíduos como resultado da ação do genótipo ou valor genotípico (G), sob a influência do ambiente (M). Como consequência, a variância genotípica e a variância atribuída aos desvios proporcionados pelo ambiente são as partes componentes da variância fenotípica (Ramalho et al., 1993).

O valor genotípico, para um loco, pode ser desdobrado numa fração herdável, o valor genético aditivo ou efeito aditivo, dado pelo desvio da média da progênie de um indivíduo qualquer cruzado com uma amostra de indivíduos da população a qual pertence, em relação à média desta população, e outra

não herdável por processos sexuais, o valor atribuído aos desvios de dominância. Para mais de um loco tem-se ainda o valor atribuído às interações interalélicas ou epistáticas de natureza aditiva x aditiva, aditiva x dominante ou dominante x dominante. Tem-se então, que a variância genotípica pode ser desdobrada em variância aditiva, variância dos valores atribuídos aos desvios de dominância, e variâncias epistáticas (Cruz, 2005).

O conhecimento da natureza e da magnitude dos efeitos gênicos que controlam um caráter é primordial para o processo de seleção e predição do comportamento de gerações segregantes. Os parâmetros genéticos populacionais, estimados a partir de amostras de populações, são aqueles de natureza aditiva e não-aditiva, expressos por meio de médias, variâncias e covariâncias.

Esses estudos poderão ser indicativos da existência da variabilidade genética presente na população e dar subsídios para prever os ganhos genéticos e o possível sucesso no programa de melhoramento. Tais estimativas também são importantes na orientação dos métodos de melhoramento a serem utilizados, na identificação da natureza da ação dos genes envolvidos no controle dos caracteres quantitativos, na definição com eficiência das diferentes estratégias de melhoramento para obtenção de ganhos genéticos com a manutenção da base genética adequada na população (CRUZ e CARNEIRO, 2003; SCHUSTER e CRUZ, 2004).

Segundo CRUZ et al. (2004), no estudo genético de gerações são adotadas duas linhas básicas de investigação. A primeira relaciona-se com a quantificação da magnitude e natureza da variabilidade genética disponível na população segregante, e a segunda com a avaliação da importância relativa dos efeitos gênicos que constituem a média das populações estudadas. As médias e as variâncias são relevantes nos estudos biométricos dos caracteres. É necessário saber as importâncias atribuídas a causas genéticas e não-genéticas que os constituem. Ainda é importante quantificar na fração genética quanto é atribuído a efeitos aditivos, de dominância e epistáticos.

Os estudos dos caracteres quantitativos estão centralizados na variância. Assim, é interessante conhecer a magnitude da variância genética em relação à variância total, bem como a natureza da variabilidade genética disponível na população segregante (FALCONER e MACKAY, 1996; CRUZ et al., 2004). No melhoramento de espécies autógamas, como o tomateiro, no

qual se buscam linhas homozigotas, a fração da variância genética explorável pela seleção é a aditiva.

Com base nas variâncias e covariâncias, estimam-se parâmetros genéticos importantes para o melhoramento, como herdabilidade e correlação. O conhecimento de tais parâmetros genéticos constitui estratégia para se estabelecerem métodos de seleção que sejam eficientes tanto na produção dos ganhos genéticos desejados, como na manutenção de base genética adequada.

2.6 – CORRELAÇÃO ENTRE CARACTERES

A correlação é uma medida da intensidade de associação linear entre duas ou mais variáveis, ou uma medida do grau em que duas variáveis variam conjuntamente, podendo ocorrer de forma sinérgica ou antagônica. Portanto, a correlação pode ser positiva ou negativa, quando ocorre aumento nas duas variáveis ou acréscimo de uma e decréscimo de outra, respectivamente (STEEL et al., 1997).

O conhecimento da correlação é muito importante no melhoramento de plantas, pois indica como a seleção em um caráter pode causar efeito simultâneo em outros caracteres. No melhoramento, busca-se aprimorar não um, mas um conjunto de caracteres, de modo a ter equilíbrio de atributos desejáveis (FALCONER e MACKAY, 1996; CRUZ et al., 2004).

A contribuição da correlação para o melhoramento pode ser alta, principalmente quando a seleção da característica desejável é difícil, por se tratar de caráter de baixa herdabilidade e/ou problemas de medição e identificação. A correlação simples permite avaliar a magnitude e o sentido das relações entre dois caracteres, por permitir avaliar a viabilidade da prática da seleção indireta, que, em alguns casos, pode levar a progressos mais rápidos que a seleção direta do caráter desejado (CRUZ et al., 2004).

2.7 – SELEÇÃO

O conhecimento dos parâmetros genéticos que permitem identificar a natureza da ação gênica para as características de interesse constitui uma estratégia para se estabelecerem métodos de seleção que sejam eficientes na obtenção dos ganhos genéticos desejados, especialmente nos programas de gerações avançadas (DEAN et al., 1983; ELDRIDGE et al., 1993).

Sabe-se que todo e qualquer programa de melhoramento genético visa indicar as estratégias que proporcionam progressos, na direção desejada, para aquelas características de interesse. Assim, a genética quantitativa tem grande destaque neste processo, por permitir que sejam realizadas previsões desse progresso por meio das predições dos ganhos por seleção (VENCOVSKY, 1987; HALLAWER e MIRANDA FILHO, 1981; RAMALHO et al., 1993; CRUZ et al., 2004).

O objetivo básico de um programa de melhoramento é obter populações superiores. Isto é conseguido por meio da seleção e multiplicação dos indivíduos de melhor mérito, portadores de maior número de genes favoráveis, esperando que os descendentes tenham desempenho superior à média original (SILVA, 1982; FALCONER e MACKAY, 1996).

A seleção somente será eficiente se existir variabilidade entre os candidatos à seleção, e pelo menos parte desta deve ter causa genética. A existência de variabilidade genética está condicionada à presença de pelo menos um alelo alternativo para o loco que controla o caráter, no caso de um caráter monogênico. O objetivo da seleção será aumentar a frequência do alelo favorável na população melhorada, em detrimento do alelo indesejado (FALCONER e MACKAY, 1996).

VENCOVSKY (1987) salienta que as estimativas dos coeficientes de herdabilidade e de variação genética são de fundamental importância para a predição de ganhos, auxiliando no estabelecimento de estratégias de condução de um programa de melhoramento.

Cabe ao melhorista decidir que estratégias de identificação de genótipos superiores serão adotadas para que sejam promovidas alterações desejáveis no processo de melhoramento. Existem vários procedimentos que podem ser aplicados para a identificação de genótipos superiores em uma população.

Alguns métodos consideram a performance individual (seleção massal) enquanto outros se baseiam, primeiramente, na performance da família e, secundariamente, na superioridade relativa dos indivíduos dentro da família (FALCONER e MACKAY, 1996).

3.0 – MATERIAL E MÉTODOS

3.1 – EXPERIMENTO ANÁLISE DE GERAÇÕES

3.1.1 – Germoplasma utilizado

Neste trabalho foram utilizados como genitores a subamostra BGH 1989 (fonte de variação para o porte da planta do tomateiro) e a cultivar Santa Clara (genótipo com boas características comerciais).

A subamostra BGH 1989 tem como características o porte anão, o crescimento determinado, e a produção frutos do tipo salada, com peso médio de 78,4g (Figura 1) (Marim, 2007; Marim et al., 2009). Já a cultivar Santa Clara possui porte normal, crescimento indeterminado, produz frutos do tipo santa cruz, com peso médio de 130g (Figura 1). Além disso, o cultivar Santa Clara é resistente à *Fusarium oxysporum* f. sp. *lycopersici* raça 1 e 2, *Verticillium dahliae* e *Stemphylium* sp. (Alvarenga, 2004; Fontes e Silva, 2002; Marim, 2009).

O cultivar Santa Clara e a subamostra BGH 1989 são linhas puras, sendo assim, o cruzamento entre estes genótipos é indicado para estudos de herança do porte da planta por serem contrastantes e homozigotos para esta característica.

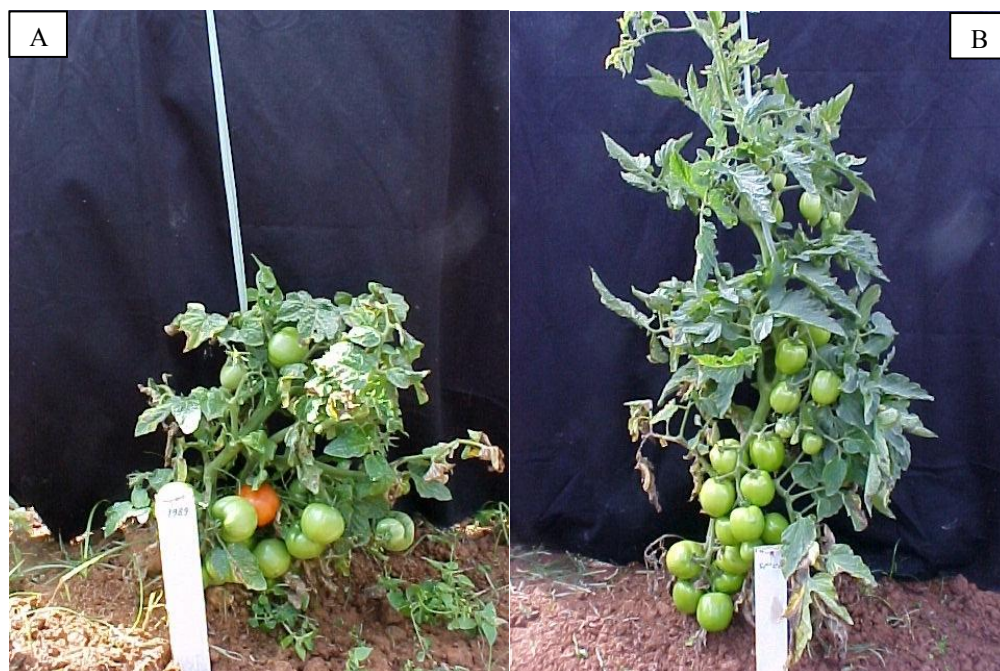


Figura 1 – Fenótipo da subamostra BGH 1989 (A) e fenótipo da cultivar Santa Clara (B).

3.1.2 - Obtenção das populações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$

A subamostra BGH 1989 foi utilizada como doadora de pólen para o genitor cultivado, na obtenção da população F_1 . Uma vez obtida, esta foi semeada, juntamente com os genitores para obtenção das populações F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$ e para renovação das sementes F_1 , P_1 e P_2 .

A população F_2 foi obtida pela autofecundação não controlada de plantas F_1 . Os retrocruzamentos foram obtidos da seguinte forma: $RC_{1:1}$ obtida pelo cruzamento do cultivar Santa Clara, como genitor feminino, e a F_1 , como genitor masculino; e $RC_{1:2}$ pelo cruzamento da subamostra BGH 1989, como genitor feminino, e F_1 , como genitor masculino.

Todas as populações foram obtidas em casa de vegetação para maior segurança e confiabilidade do trabalho, bem como, por reduzir a incidência de doenças e aumentar a eficácia dos cruzamentos.

3.1.3 - Cultivo das plantas das populações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}

O experimento foi conduzido em nível de campo, na Horta Velha do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, sendo as plantas dispostas de maneira inteiramente casualizada na área experimental. Foram transplantadas 25, 25, 25, 280, 70 e 70 plantas das populações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2}, respectivamente.

O solo foi arado, gradeado e corrigido de acordo com a análise de solo (Ribeiro et al., 1999). No sulco de plantio foram aplicados 40 t/ha de esterco de bovino, 10 kg/ha de bórax, 10 kg/ha de sulfato de zinco, 200 kg/ha de sulfato de magnésio e 16 kg/ha de N, 400 kg/ha de P₂O₅ e 20 kg/ha de K₂O, respectivamente na forma de sulfato de amônia, superfosfato simples e cloreto de potássio.

As adubações de cobertura foram realizadas aos 15, 30, 45, 60, 75, 90, 105 dias após o transplântio, sendo realizadas através de fertirrigação. Estas adubações foram diferenciadas: na primeira e na segunda foram aplicados 30,4 kg/ha de N e 18 kg/ha de K₂O, na terceira e na quarta adubações de cobertura foram aplicados 45,6 kg/ha de N e 27 kg/ha de K₂O, na quinta e na sexta 60,8 kg/ha de N e 36 kg/ha de K₂O, e por fim, na sétima adubação de cobertura foram aplicados 30,4 kg/ha de N e 18 kg/ha de K₂O.

As plantas foram tutoradas verticalmente com o uso de fitilho, sendo espaçadas em 0,7 m entre plantas e 1,1 m entre linhas. As plantas foram conduzidas com uma haste e seis racimos. O tutoramento e a desbrota das plantas foram realizados semanalmente, enquanto a capina foi realizada de forma que a cultura permaneça sempre no limpo até o início da colheita.

Em resumo foram dadas todas as condições para o melhor desenvolvimento das plantas, sendo realizado o controle fitossanitário sempre que necessário, de forma a maximizar a produção de frutos (Fontes e Silva, 2002).

3.1.4 - Características avaliadas

Foram avaliadas características vegetativas e agronômicas de acordo com as recomendações do International Plant Genetic Resources Institute - IPGRI (1996), com algumas adaptações.

As características vegetativas porte da planta e hábito de crescimento, foram avaliadas mediante notas, sendo: a) porte da planta: 1- anão, 2- normal; b) hábito de crescimento: 1- determinado, 2- indeterminado. Foram consideradas plantas com porte anão, aquelas com redução drástica na altura e folhas com aspecto verde escuro, ou seja, semelhante ao aspecto visual da subamostra BGH 1989 (Figura 1). As demais plantas foram consideradas como de porte normal.

Na avaliação das características vegetativas comprimento da folha, comprimento do entrenó e diâmetro do entrenó ocorreram medições, realizadas na folha ou entrenó imediatamente acima do terceiro cacho, sendo: a) comprimento da folha (CFo), em cm, medido da base da folha até a extremidade distal do último folíolo; b) comprimento do entrenó (CE), em mm; c) diâmetro do entrenó (DE), em mm, medido na posição mediana do entrenó.

As características agronômicas foram: a) número total de frutos (NTF), em frutos/planta; b) massa total de frutos (MTF), em kg/planta; c) massa média dos frutos (MMF), em g/fruto, obtido por amostragem em frutos do terceiro cacho.

3.1.5 - Análises estatísticas

Para as características porte da planta e hábito de crescimento foi realizado a análise qualitativa dos dados. Para isso, utilizou-se o teste do qui-quadrado (χ^2) considerando a taxa de segregação de plantas em cada geração avaliada. Para a decisão de se aceitar ou não a hipótese de nulidade (H_0), o valor de qui-quadrado calculado foi comparado com o valor de qui-quadrado tabelado ao nível de 5% de significância, e grau de liberdade igual a $n-1$ (Viana et al., 2003).

Para as demais características foi realizado o estudo das médias e das variâncias (Cruz et al., 2004).

Realizou-se o estudo da correlação fenotípica entre características avaliadas, na geração F2, através das estimativas de correlação de Pearson. Verificou-se a significância do valor do coeficiente de correlação fenotípica pela aplicação do teste t (Cruz, 2001).

Para todas as análises estatísticas foram utilizados os recursos do programa GENES versão 2005.6.1 (Cruz, 2001).

3.2 – EXPERIMENTO AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS F₆

3.2.1. Obtenção das famílias ou linhagens F₆

A partir da população F₂ derivada do cruzamento entre a cultivar Santa Clara (porte normal) e da subamostra BGH 1989 (porte anão), foi realizado o avanço de gerações pelo método SSD (Single Seed Descent). Assim, as sementes F₃ de cada indivíduo anão da F₂ foram colhidas separadamente e semeadas. Sementes F₄ de cada planta F₃ foram colhidas separadamente e estas semeadas. Este processo foi realizado até a obtenção de sementes F₆.

3.2.2. Cultivo das famílias F₆

O cultivo das famílias F₆ foi semelhante ao das plantas no experimento de análise das gerações. O experimento foi montado em blocos ao acaso com três repetições, sendo cada parcela composta por cinco plantas. As plantas foram tutoradas verticalmente com o uso de fitilho, sendo espaçadas em 0,5m entre plantas e 1,2m entre linhas. O tutoramento e a desbrota das plantas foram realizados semanalmente, enquanto a capina foi realizada de forma que a cultura permaneça sempre no limpo até o início da colheita. Além das famílias F₆, também foram incluídos neste ensaio os genitores 'Santa Clara' e BGH 1989.

3.2.3. Características avaliadas

Neste experimento foram avaliadas as características quantitativas citadas anteriormente no experimento de análise de gerações, exceto o comprimento do entrenó, sendo incluídas as seguintes características: a) altura da planta (AP) expressa em m, sendo obtida pela medição da distância entre o solo e o ponto mais alto da planta, avaliada em três plantas por parcela.

3.2.4. Análises estatísticas

Foi realizada a análise de variância e o teste de Dunnett para comparação das médias das famílias F_6 com a dos genitores 'Santa Clara' e BGH 1989.

Por fim, foram estimados os ganhos com a seleção direta em MTF com 10 e 20% de intensidade de seleção.

Para todas as análises estatísticas foram utilizados os recursos do programa GENES versão 2005.6.1 (Cruz, 2001).

4.0 – RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 – EXPERIMENTO ANÁLISE DE GERAÇÕES

4.1.1 – Controle genético do porte da planta, do hábito de crescimento e teste de segregação independente

4.1.1.1 – Porte da planta

Na avaliação do porte da planta todas as plantas do genitor P_1 (cultivar Santa Clara) foram classificadas como de porte normal, enquanto que todas as plantas do genitor P_2 (BGH 1989) foram classificadas como anãs (Tabela 1). Todas as plantas da geração F_1 e $RC_{1:1}$ foram classificadas como de porte normal. Já nas gerações $RC_{1:2}$ e F_2 houve variação, ocorrendo a proporção na $RC_{1:2}$ de 30 plantas anãs para 34 normais e na F_2 de 62 anãs para 202 normais (Tabela 1).

Uma hipótese para essa segregação, é que o porte da planta seja controlado por um gene com dois alelos, com dominância completa para o alelo que confere o porte normal. Essa hipótese foi confirmada pelo teste do qui-quadrado (χ^2), no qual em todas as gerações avaliadas os valores do qui-quadrado calculado ($\chi^2_{\text{calculado}}$) foram menores do que os valores dos qui-quadrado tabelado (χ^2_{tabelado}) ao nível de 5% de significância e um grau de liberdade ($\chi^2 = 3,81$) (Tabela 1).

Outra hipótese que pode explicar a segregação ocorrida é a de que a característica porte da planta seja governada por dois genes com interação

epistática recessiva e dominante, ocorrendo a segregação na população F₂ de 3:13 entre indivíduos anões e normais. No entanto, esta hipótese não foi confirmada pelo teste qui-quadrado, sendo o valor do $\chi^2_{\text{calculado}}$ (3,88) maior que o valor do χ^2_{tabelado} ao nível de 5% de significância e um grau de liberdade (3,81) (Tabela 1).

Nanismo controlado por um gene recessivo foi também relatado por vários autores na literatura, no entanto, existem alguns relatos de dominância parcial (Barton *et al.*, 1955; Butler, 1952; Clayberg *et al.*, 1960; Pelton, 1964).

Tabela 1. Número de plantas anãs e normais nas populações parentais e nas populações segregantes, derivadas do cruzamento entre a subamostra BGH 1989 e o cultivar Santa Clara e teste qui-quadrado considerando a herança do porte planta como sendo governado por um gene com dominância completa para o alelo que condiciona porte normal (Hipótese 1) ou dois genes com interação epistática recessiva e dominante (Hipótese 2).

População	Número de plantas			Hipótese 1	χ^2	P*	Hipótese 2	χ^2	P*
	Total	Anãs	Normais						
P ₁	25	0	25	0:1			0:1		
P ₂	23	23	0	1:0			1:0		
F ₁	23	0	23	0:1			0:1		
F ₂	264	62	202	1:3	0,32	0,57	3:13	3,88	0,05
RC _{1:1}	54	0	54	0:1			0:1		
RC _{1:2}	64	30	34	1:1	0,25	0,62	1:1	0,25	0,62

*P: nível de significância a ser adotado para que diferença entre o resultado obtido e o resultado esperado não tenha acontecido por acaso.

4.1.1.2 – Hábito de crescimento

Na avaliação do hábito de crescimento todas as plantas do genitor P₁ (cultivar Santa Clara) foram classificadas como de crescimento indeterminado, enquanto que todas as plantas do genitor P₂ (BGH 1989) foram classificadas como de crescimento determinado (Tabela 2). Além disto, todas as plantas da geração F₁ e RC_{1:1} foram classificadas como de crescimento indeterminado. Já na geração RC_{1:2} ocorreu a proporção de 38 plantas de crescimento determinado para 26 de crescimento indeterminado e na F₂ de 66 plantas de crescimento determinado para 198 de crescimento indeterminado (Tabela 2).

Assim como para o porte da planta, a segregação ocorrida para a característica hábito de crescimento sugere duas hipóteses principais, ou seja, característica controlada por um gene com dois alelos, com dominância completa para o alelo que confere crescimento indeterminado ou que a característica seja governada por dois genes com interação epistática recessiva e dominante. No entanto, diferentemente ao porte da planta, as duas hipóteses foram confirmadas pelo teste do qui-quadrado (χ^2) ao nível de 5% de significância e um grau de liberdade ($\chi^2 = 3,81$) (Tabela 2).

Para a confirmação do número de genes obtidos pelo estudo da herança do hábito de crescimento da planta, foi realizada avaliação de 5 plantas da geração F_{2:3} obtidas de cada uma das 66 plantas de crescimento determinado da geração F₂, totalizando 330 plantas.

Não foi observada variação entre as plantas, sendo todas classificadas como de crescimento determinado. Com base na hipótese de dois genes, a probabilidade de ocorrência do genótipo de crescimento determinado ser aaBB seria de 1/16 enquanto que de ser aaBb seria de 2/16, logo a probabilidade das plantas de crescimento determinado avaliadas serem do genótipo aaBB é de 1/3, enquanto que de ser aaBb é de 2/3. Como foram avaliadas 5 plantas de cada uma das 66 plantas de crescimento determinado da F₂, o erro em se afirmar que dois genes estariam envolvidos na determinação desta característica é dado por $[1-(3/4)^5 \times 2/3]^{66}$. Assim, a probabilidade ou certeza, em se afirmar que um único gene recessivo determina o hábito de crescimento é dado pela expressão $C = 1-[1-(3/4)^5 \times 2/3]^{66}$ (Cruz *et al.*, 2004). Desta forma, a probabilidade em se afirmar que um único gene recessivo determina a herança do hábito de crescimento determinado é de 99,99%.

Tabela 2. Número de plantas de crescimento indeterminado (CI) e determinado (CD) nas populações parentais e segregantes, derivadas do cruzamento entre a subamostra BGH 1989 e o cultivar Santa Clara e teste qui-quadrado considerando a herança o hábito de crescimento como sendo governado por um gene com dominância completa para o alelo que condiciona crescimento indeterminado (Hipótese 1) ou dois genes com interação epistática recessiva e dominante (Hipótese 2).

População	Número de plantas			Hipótese 1	χ^2	P*	Hipótese 2	χ^2	P*
	Total	CD	CI						
P ₁	25	0	25	0:1			0:1		
P ₂	23	23	0	1:0			1:0		
F1	23	0	23	0:1			0:1		
F2	264	66	198	1:3	1,29	0,255	3:13	1,80	0,180
RC _{1:1}	54	0	54	0:1			0:1		
RC _{1:2}	64	38	26	1:1	2,25	0,134	1:1	2,25	0,134

*P: nível de significância a ser adotado para que diferença entre o resultado obtido e o resultado esperado não tenha acontecido por acaso.

4.1.1.2 – Teste de segregação independente

Com o objetivo de avaliar se os genes que determinam o porte e o hábito de crescimento da planta estão ligados, realizou-se o teste de segregação independente (Viana et al., 2003).

Como o porte da planta e o hábito de crescimento, avaliados anteriormente, são governados por um gene com dominância completa, apresentando uma típica segregação 3:1, espera-se que se estes forem independentes ocorra a segregação conjunta de 9:3:3:1.

O valor do qui-quadrado calculado (3,801) foi inferior ao valor do qui-quadrado tabelado (7,815), considerando o nível de 5% de probabilidade. Desta forma, pode-se afirmar que as diferenças entre os valores observados e os valores esperados foram devido ao acaso e, portanto os genes envolvidos nas características porte e hábito de crescimento da planta são independentes (Tabela 3).

Tabela 3. Teste de segregação independente para as características porte da planta e hábito de crescimento, avaliado na população F₂ do cruzamento entre a subamostra BGH 1989 e o cultivar Santa Clara.

Fenótipo	Hipótese	Número de plantas		O-E	(O-E) ²	(O-E) ² /E
		Observado (O)	Esperado (E)			
Normal indeterminado	9	153	148,5	4,5	20,25	0,136
Normal determinado	3	49	49,5	-0,5	0,25	0,005
Anão indeterminado	3	53	49,5	3,5	12,25	0,25
Anão determinado	1	9	16,5	-7,5	56,25	3,41
Total	16	264	264	0		3,801

4.1.2 – Controle genético de características morfoagronômicas

4.1.2.1 – Componentes de médias

Os genitores foram contrastantes, principalmente, para as características comprimento da folha (CFo), número total de frutos (NTF), massa total dos frutos (MTF) e massa média dos frutos (MMF), havendo também, considerável diferença para o diâmetro do entrenó (DE). O genitor 'Santa Clara' foi superior ao BGH 1989 em todas as características, com exceção da característica comprimento do entrenó (CE), que, ao contrário do que se esperava, não se verificou diferença entre os genitores (Tabela 4). Dados médios das populações F_1 e F_2 ficaram próximos do genitor 'Santa Clara' para as características CFo, NTF, MTF, MMF e DE, enquanto que para a característica CE as médias da F_1 e da F_2 foram consideravelmente superiores aos dois genitores (Tabela 4).

As médias da população $RC_{1:1}$ foram as maiores dentre as populações avaliadas, inclusive em relação ao genitor 'Santa Clara', com exceção de DE. Enquanto que as médias da população $RC_{1:2}$ foram intermediárias em relação aos dois genitores. A exceção nesta população também foi para a característica CE, em que a média da $RC_{1:2}$ foi superior aos dois genitores (Tabela 4).

Considerando, as avaliações anteriores do cultivar Santa Clara e do BGH 1989 e os resultados encontrados neste experimento, o mais provável é que algum tipo de erro na medição ou anotação dos dados de CE tenha ocorrido.

Pela análise dos componentes de médias para as características CFo e NTF evidenciou-se significância, pelo teste t, para os efeitos de média e genético aditivo (Tabelas 5 e 6). Para o comprimento do entrenó o único efeito significativo foi o da média (Tabela 7). Já para DE, MTF e MMF os efeitos média, aditivo e de dominância foram significativos, assim como, alguns efeitos epistáticos (Tabelas 8, 9 e 10).

Tabela 4. Médias para seis características avaliadas em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Geração	Nº de plantas	CFo ¹	CE	DE	NTF	MTF	MMF
P ₁	23	45,02	7,20	19,40	39,22	4,34	124,93
P ₂	25	24,80	7,23	17,33	23,88	2,32	95,17
F ₁	23	44,58	7,61	18,67	41,48	4,09	105,40
F ₂	264	42,78	7,71	19,50	39,14	4,25	115,07
RC _{1:1}	54	47,81	8,23	18,66	41,09	5,03	130,30
RC _{1:2}	64	35,82	7,56	17,61	33,50	3,50	106,52

¹CFo: comprimento da folha (cm); CE: comprimento do entrenó (cm); DE: diâmetro do entrenó (mm); NTF: número total de frutos (frutos/planta); MTF: massa total dos frutos (kg/planta); MMF: massa média dos frutos (g/fruto).

Tabela 5. Estimativas de efeitos genéticos para comprimento da folha (CFo) no modelo completo, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Comprimento da folha		
	Média	Variância	Test t
m ¹	38,76	11,20	11,61*
a	10,11	0,41	15,79*
d	10,26	83,22	1,13
aa	-3,85	10,74	-1,17
ad	3,77	8,44	1,29
dd	-4,44	43,03	-0,68

¹m: média dos homozigotos; a: efeito aditivo; d: efeito de dominância; aa: interação epistática aditiva x aditiva; ad: interação epistática aditiva x dominante; dd: interação epistática dominante x dominante.

Tabela 6. Estimativas de efeitos genéticos para número total de frutos (NTF) no modelo completo, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Número total de frutos		
	Média	Variância	Test t
m ¹	38,92	19,09	8,91*
a	7,67	0,89	8,11*
d	-1,69	142,48	-0,14
aa	-7,37	18,20	-1,73
ad	-1,52	15,24	-0,39
dd	4,24	69,87	0,51

¹m: média dos homozigotos; a: efeito aditivo; d: efeito de dominância; aa: interação epistática aditiva x aditiva; ad: interação epistática aditiva x dominante; dd: interação epistática dominante x dominante.

Tabela 7. Estimativas de efeitos genéticos para comprimento do entrenó (CE) no modelo completo, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Comprimento do entrenó		
	Média	Variância	Test t
m ¹	6,46	0,96	6,58*
a	-0,01	0,03	-0,04
d	3,85	6,74	1,48
aa	0,76	0,93	0,78
ad	1,36	0,66	1,66
dd	-2,70	2,99	-1,56

¹m: média dos homozigotos; a: efeito aditivo; d: efeito de dominância; aa: interação epistática aditiva x aditiva; ad: interação epistática aditiva x dominante; dd: interação epistática dominante x dominante.

Tabela 8. Estimativas de efeitos genéticos para diâmetro do entrenó (DE) no modelo completo, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH1989.

Parâmetro	Diâmetro do entrenó		
	Média	Variância	Test t
m ¹	23,81	0,98	24,07*
a	1,03	0,06	4,22*
d	-12,11	7,29	-4,48*
aa	-5,45	0,92	-5,68*
ad	0,05	0,81	0,05
dd	6,97	3,83	3,56*

¹m: média dos homozigotos; a: efeito aditivo; d: efeito de dominância; aa: interação epistática aditiva x aditiva; ad: interação epistática aditiva x dominante; dd: interação epistática dominante x dominante.

Tabela 9. Estimativas de efeitos genéticos para massa total de frutos (MTF) no modelo completo, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Massa total de frutos		
	Média	Variância	Test t
m ¹	3261,08	232821,53	6,76*
a	1009,70	10093,59	10,05*
d	3107,45	1786969,17	2,32*
aa	65,90	222727,94	0,14
ad	1048,67	189767,23	2,41*
dd	-2276,55	944284,05	-2,34*

¹m: média dos homozigotos; a: efeito aditivo; d: efeito de dominância; aa: interação epistática aditiva x aditiva; ad: interação epistática aditiva x dominante; dd: interação epistática dominante x dominante.

Tabela 10. Estimativas de efeitos genéticos para massa média dos frutos (MMF) no modelo completo, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Massa média dos frutos		
	Média	Variância	Test t
m ¹	96,71	103,47	9,51*
a	14,88	13,85	4,00*
d	64,78	802,01	2,29*
aa	13,35	89,62	1,41
ad	17,79	114,56	1,67
dd	-56,08	414,86	-2,75*

¹m: média dos homozigotos; a: efeito aditivo; d: efeito de dominância; aa: interação epistática aditiva x aditiva; ad: interação epistática aditiva x dominante; dd: interação epistática dominante x dominante.

Utilizando-se a decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros constatou-se que, para todas as características, o efeito da média foi importante quanto à variabilidade disponível (Tabela 11). Entretanto, para algumas características (CFo, NTF e MTF), também o efeito gênico aditivo foi importante, sendo que para CFo e MTF foi superior ao efeito da média (Tabela 11). Tal fato evidencia que há possibilidade de obtenção de linhagens homozigóticas com ganhos satisfatórios para a produção por planta (MTF), uma vez que o componente de natureza aditiva é um dos mais importantes.

O efeito genético devido à dominância teve importância relevante para a característica CE. Para esta característica a média explicou grande parte da variabilidade com coeficiente de determinação de 84% e sendo que o efeito aditivo teve coeficiente de determinação praticamente nulo (Tabela 11).

Tabela 11 - Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros ajustados, no modelo completo, para comprimento da folha (CFo), comprimento do entrenó (CE), diâmetro do entrenó (DE), número total de frutos (NTF), massa total de frutos (MTF) e massa média dos frutos (MMF), avaliados em plantas de tomate das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

F.V.	CFo (cm)		CE (cm)		DE (mm)		NTF (frutos/planta)		MTF (kg/planta)		MMF (g/frutos)	
	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)
m/a,d,aa,ad,dd	134,73	34,67	43,34	84,35	579,44	87,49	79,35	53,42	45,68	27,96	90,39	72,93
a/m,d,aa,ad,dd	249,21	64,11	0,001	0,003	17,78	2,68	65,92	44,38	101,00	61,82	15,99	12,90
d/m,a,aa,ad,dd	1,27	0,33	2,20	4,29	20,11	3,04	0,02	0,01	5,40	3,31	5,23	4,22
aa/m,a,d,ad,dd	1,38	0,35	0,62	1,21	32,29	4,88	2,99	2,01	0,02	0,01	1,99	1,60
ad/m,a,d,aa,dd	1,68	0,43	2,77	5,39	0,003	0,001	0,0010	0,001	5,79	3,55	2,76	2,23
dd/m,a,d,aa,ad	0,46	0,12	2,44	4,75	12,70	1,91	0,26	0,17	5,49	3,36	7,58	6,12
Total	388,73	100	51,37	100	662,32	100	148,54	100	163,38	100	123,94	100

Apesar do uso do modelo completo para descrever as médias das gerações ser de grande importância para o conhecimento mais abrangente das causas e magnitudes dos componentes genéticos que controlam o caráter, foi estudado também o modelo reduzido aditivo-dominante. Assim, os efeitos de média, aditividade e dominância foram significativos para as características CFo, NTF e MTF (Tabelas 12, 13 e 14). Para as características DE e MMF os efeitos da média e aditivo foram significativos, enquanto que para CE houve significância apenas para o efeito da média (Tabelas 15, 16 e 17, respectivamente).

Tabela 12. Estimativas de efeitos genéticos para comprimento da folha (CFo) no modelo aditivo-dominante, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Comprimento da folha		
	Média	Variância	Test t
m	35,58	0,36	59,23*
a	10,54	0,32	18,59*
d	12,94	1,68	9,98*

Tabela 13. Estimativas de efeitos genéticos para número total de frutos (NTF) no modelo aditivo-dominante, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH1989.

Parâmetro	Número total de frutos		
	Média	Variância	Test t
m	32,11	0,67	39,14*
a	7,88	0,63	9,90*
d	11,89	2,95	6,92*

Tabela 14. Estimativas de efeitos genéticos para massa total de frutos (MTF) no modelo completo, avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Massa total de frutos		
	Média	Variância	Test t
m	3519,05	8184,53	38,90*
a	1190,78	7578,38	13,68*
d	1328,01	38162,77	6,80*

Tabela 15. Estimativas de efeitos genéticos para diâmetro do entrenó (DE) no modelo aditivo-dominante, avaliados em plantas das gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$ a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Diâmetro do entrenó		
	Média	Variância	Test t
m	18,52	0,05	82,92*
a	1,05	0,42	5,13*
d	0,77	0,21	1,69

Tabela 16. Estimativas de efeitos genéticos para massa média dos frutos (MMF) no modelo aditivo-dominante, avaliados em plantas das gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$ a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Massa média dos frutos		
	Média	Variância	Test t
m	116,68	8,24	40,64*
a	20,52	6,74	7,90*
d	-2,85	31,29	-0,51

Tabela 17. Estimativas de efeitos genéticos para comprimento do entrenó (CE) no modelo aditivo-dominante, avaliados em plantas das gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$ a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Parâmetro	Comprimento do entrenó		
	Média	Variância	Test t
m	7,36	0,03	44,25**
a	0,15	0,03	0,90
d	0,63	0,10	1,96

Verifica-se que o modelo aditivo-dominante possibilita a obtenção de médias preditas que se correlacionam com as médias observadas em magnitudes superiores à 0,90 para a maioria das características, com exceção de CE e DE. Desta forma, o coeficiente de determinação para CFo, NTF, MTF e MMF foi superior à 80% (Tabela 18).

O efeito genético mais importante na determinação dos caracteres foi a média, com coeficiente de determinação superior 85% para todas as características, chegando a alcançar valores próximos a 100% para CE, DE e MMF (Tabela 19). No entanto, para CFo e MTF, os efeitos aditivos também foram determinantes, alcançando valores acima de 8 e 10%, respectivamente.

Pode-se concluir que o uso do modelo genético aditivo-dominante é satisfatório para explicar o comportamento da média das gerações e que a variabilidade aditiva presente em F2 é relativamente superior à atribuída aos desvios de dominância.

Vale salientar que quando se utiliza a média para inferir sobre os tipos de ação gênica, o que se obtém é uma soma algébrica de cada um dos locos individualmente, e pode ocorrer que genes dominantes estejam presentes, porém atuando em sentidos opostos em vários locos, o que pode conduzir a efeito final pequeno ou nulo, e dar, indiretamente, uma idéia errônea do que realmente ocorre (MATHER e JINKS, 1984).

Tabela 18. Médias observadas ($\bar{Y}_o$) e esperadas ($\bar{Y}_e$) para cada uma das gerações, no modelo aditivo-dominante, para comprimento da folha (CFo), comprimento do entrenó (CE), diâmetro do entrenó (DE), número total de frutos (NTF), massa total de frutos (MTF) e massa média dos frutos (MMF) avaliados em plantas das gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$ a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

F.V.	CFo (cm)		CE (cm)		DE (mm)		NTF (frutos/planta)		MTF (kg/planta)		MMF (g/frutos)	
	$\bar{Y}_o$	$\bar{Y}_e$	$\bar{Y}_o$	$\bar{Y}_e$	$\bar{Y}_o$	$\bar{Y}_e$	$\bar{Y}_o$	$\bar{Y}_e$	$\bar{Y}_o$	$\bar{Y}_e$	$\bar{Y}_o$	$\bar{Y}_e$
P_1	45,02	46,13	7,20	7,51	19,40	19,57	39,22	39,99	4,34	4,71	124,93	137,21
P_2	24,80	25,04	7,23	7,22	17,33	17,47	23,88	24,23	2,32	2,33	95,17	96,16
F_1	44,58	48,52	7,61	8,00	18,67	19,29	41,48	43,99	4,09	4,85	105,40	113,84
F_2	42,78	42,05	7,71	7,68	19,50	18,91	39,14	38,05	4,25	4,18	115,07	115,30
$RC_{1:1}$	47,81	47,33	8,23	7,76	18,66	19,43	41,09	41,99	5,03	4,78	130,30	125,52
$RC_{1:2}$	35,82	36,78	7,56	7,61	17,61	18,38	33,50	34,11	3,50	3,59	106,52	105,00
$r(\bar{Y}_o, \bar{Y}_e)$	0,98		0,59		0,81		0,99		0,93		0,90	
R^2	0,96		0,35		0,66		0,98		0,87		0,81	

Tabela 19 - Decomposição não-ortogonal da soma de quadrados de parâmetros ajustados, no modelo aditivo-dominante, para comprimento da folha (CFo), comprimento do entrenó (CE), diâmetro do entrenó (DE), número total de frutos (NTF), massa total de frutos (MTF) e massa média dos frutos (MMF), avaliados em plantas de tomate das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

F.V.	CFo (cm)		CE (cm)		DE (mm)		NTF (frutos/planta)		MTF (g/planta)		MMF (g/frutos)	
	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)	S.Q.	R ² (%)
m/a,d	3508,76	88,74	1957,87	99,76	6875,17	99,58	1532,07	91,31	1513,07	86,64	1651,99	96,34
a/m,d	345,77	8,74	0,80	0,04	26,31	0,38	97,96	5,84	187,11	10,71	62,49	3,64
d/m,a	99,53	2,52	3,85	0,20	2,86	0,04	47,88	2,85	46,21	2,65	0,26	0,02
Total	3954,10	100,00	1962,50	100,00	6904,30	100,00	1677,90	100,00	1746,40	100,00	1714,70	100,00

4.1.2.2 – Estudo genético das variâncias

Observou-se para CFo, CE e DE variâncias semelhantes entre os dois genitores, sendo as variâncias das gerações F_2 e $RC_{1:2}$ as de maior magnitude. Já para as características NTF, MTF e MMF, as variâncias do genitor 'Santa Clara' foram pelo menos três vezes superiores às verificadas para o genitor BGH 1989. Para MMF, a variância do genitor 'Santa Clara' superou em duas vezes a da geração F_2 (Tabela 20).

Uma justificativa para os resultados obtidos para as variâncias é a própria natureza das variáveis quantitativas. Além disso, o melhoramento da cultivar Santa Clara pode ter privilegiado a seleção de um genótipo com elevado potencial produtivo e baixa adaptabilidade (Cruz et al., 2004). E ocorrendo alguma mudança no ambiente ao qual não está adaptado, resultou em maior variância em relação ao genitor BGH 1989.

Tabela 20. Estimativas das variâncias para comprimento da folha (CFo), comprimento do entrenó (CE), diâmetro do entrenó (DE), número total de frutos (NTF), massa total de frutos (MTF) e massa média dos frutos (MMF) avaliados em plantas das gerações P_1 , P_2 , F_1 , F_2 , $RC_{1:1}$ e $RC_{1:2}$ a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

Geração	Nº de plantas	CFo	CE	DE	NTF	MTF	MMF
P_1	23	21,06	1,50	3,04	66,18	737.316,12	1.006,80
P_2	25	18,13	1,81	2,70	17,28	207.928,62	290,54
F_1	23	58,91	1,96	5,60	75,17	1.339.768,17	531,12
F_2	264	64,97	6,60	5,80	107,67	1.210.028,74	502,58
$RC_{1:1}$	54	27,98	2,89	3,84	60,31	822.984,59	423,20
$RC_{1:2}$	64	75,67	5,01	4,52	115,33	1.414.896,63	444,99

Para todas as características avaliadas, a maior parte da variância genotípica total foi atribuída à variância aditiva (Tabela 21). No caso específico das características CFo, CE, DE e MMF foram estimadas variâncias atribuídas aos desvios de dominância negativas, sendo consideradas nulas para fins de cálculos. Apenas para NTF e MTF foi possível obter estimativas positivas para todos os parâmetros baseados nas variâncias.

As estimativas negativas da variância devido aos desvios de dominância podem ser atribuídas à baixa acurácia das estimativas da variância ambiental

(valores superestimados). Segundo Carvalho et al. (2001), em estudos de análises de gerações por meio de variâncias são, geralmente, utilizados P_1 , P_2 e F_1 , em diferentes expressões, para estimar a variância ambiental, devido à variação entre plantas nestas gerações ser toda devida ao ambiente. Todavia, estas gerações possuem, de maneira geral, variância entre plantas maior que nas gerações segregantes, resultando em estimativas viesadas dos parâmetros genéticos.

As herdabilidades no sentido amplo estimadas para todas as características foram menores que 50%, com exceção de CE que teve valor de herdabilidade igual a 72%. De posse destes valores, espera-se, com exceção de CE, significativa redução na obtenção de ganhos com a seleção nas populações segregantes iniciais. Além disto, é válido lembrar que a herdabilidade no sentido amplo envolve toda a variância genética em sua estimação e não apenas a parte mais importante para o melhoramento, que é a porção aditiva da variância (Tabela 21).

O grau médio de dominância para NTF foi de 1,29 indicando sobredominância, enquanto que para MTF o valor do grau médio de dominância foi de 0,76 indicando dominância parcial entre os alelos controladores deste caráter (Tabela 21).

Todas as características avaliadas podem ser consideradas poligênicas, pois o número de genes estimados variou de 7 para CE até 24 para MTF (Tabela 21). Cruz & Regazzi (2001) sugerem cautela em interpretar o número de genes que controlam o caráter em estudo com base no estimador utilizado devido às pressuposições em que se baseia, porém estes mesmos autores citam a importância das estimativas dos números de genes como indicativas da natureza poligênica ou monogênica do caráter em estudo.

Tabela 21. Estimativas dos parâmetros genéticos obtidos das variâncias para comprimento da folha (CFo), comprimento do entrenó (CE), diâmetro do entrenó (DE), número total de frutos (NTF), massa total de frutos (MTF) e massa média dos frutos (MMF) avaliados em plantas das gerações P₁, P₂, F₁, F₂, RC_{1:1} e RC_{1:2} a partir do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

F.V.	CFo	CE	DE	NTF	MTF	MMF
Variância fenotípica	64,97	6,60	5,80	107,67	1210028,74	502,59
Variância ambiental	39,25	1,81	4,23	58,45	906195,27	589,90
Variância genotípica	25,71	4,79	1,56	49,22	303833,47	-87,31
Variância aditiva	26,28	5,30	3,23	39,70	182176,26	136,98
Variância devido à dominância	-0,57	-0,51	-1,67	9,52	121657,21	-224,29
Herdabilidade no sentido amplo	39,58	72,60	26,95	47,72	25,11	-
Herdabilidade no sentido restrito	40,45	80,34	55,76	36,87	15,05	27,25
Grau médio de dominância	-	-	-	1,29	0,76	-
Nº de genes que controlam o caráter	10	7	12	15	24	19

4.1.3 – Correlação entre características

Ao observarem-se as estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson entre os indivíduos da geração F2 (Tabela 22) verifica-se que o porte da planta (PP) correlaciona-se positivamente e significativamente com as características CFo, CE, NTF, MTF e MMF. Desta forma, pode-se dizer que plantas anãs tendem a ter menor número de frutos com menor massa média e produzirem menos. Tal fato é perturbador do sucesso da utilização desta fonte de nanismo no melhoramento do tomateiro, contudo, trata-se de uma tendência podendo haver indivíduos ou famílias que não contribuem para esta estatística.

Por outro lado, a característica hábito de crescimento (HC) não está correlacionada com MTF (Tabela 22). Além disto, a característica HC está correlacionada com NTF e MMF simultaneamente, mas em sentidos opostos, ou seja, tem correlação negativa com NTF e positiva com MMF. Como NTF e MMF são os componentes primários da produção do tomateiro, a possível influência de HC sobre MTF pela sua correlação com NTF é anulada pela correlação de HC com MMF em sentido contrário.

A característica comprimento da folha possui correlação positiva com DE, NTF, MMF e principalmente com MTF (Tabela 22). Assim, quanto maior o tamanho da folha maior será a produção por planta.

As características CE e DE também estão positivamente correlacionadas com MTF, embora a magnitude destas correlações sejam baixas. Já NTF possui a correlação de maior magnitude com MTF, sendo o valor de correlação próximo a 0,8 (Tabela 22).

Tabela 22. Estimativas de correlações de Pearson entre oito características do tomateiro avaliadas na população F₂ derivada do cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH 1989.

	PP	HC	CFo	CE	DE	NTF	MTF	MMF
PP	1,00							
HC	-0,10	1,00						
CFo	0,55**	0,31**	1,00					
CE	0,32**	-0,50**	0,08	1,00				
DE	-0,04	0,26**	0,18**	-0,13*	1,00			
NTF	0,37**	-0,13*	0,29**	0,21**	0,01	1,00		
MTF	0,43**	0,05	0,43**	0,13*	0,18**	0,77**	1,00	
MMF	0,14*	0,30**	0,29**	-0,09	0,28**	-0,31**	0,30**	1,00

¹PP: porte da planta; HC: hábito de crescimento; CFo: comprimento da folha; CE: comprimento do entrenó; DE: diâmetro do entrenó; NTF: número total de frutos; MTF: massa total dos frutos; MMF: massa média dos frutos.

*, ** Significativo a 5 e 1% pelo teste T, respectivamente.

4.2 – EXPERIMENTO AVALIAÇÃO DE FAMÍLIAS F6

4.2.1 – Análise de variâncias e comparação de médias

Pelas análises de variâncias, verificou-se a existência de diferença significativa entre famílias, pelo teste F, em nível de 5% de probabilidade para todas as características avaliadas, com exceção de CFo (Dados não apresentados). Assim, pode-se inferir que existe variabilidade genética entre famílias e que há possibilidade de obtenção de ganhos genéticos pela aplicação de seleção nesta população.

Ainda pela análise de variância, verificou-se diferença significativa entre os genitores para as características MTF, MMF, AP e CFo, ao nível de 5% de probabilidade pelo teste F (Dados não apresentados).

Pelo teste de Dunnett verificou-se a existência de famílias com médias semelhantes aos dois genitores simultaneamente para as características NTF, MTF, MMF e DE. Porém, para as características altura da planta (AP) e comprimento da folha (CFo) não houve famílias com médias semelhantes ao genitor 'Santa Clara' (Tabela 23).

Para a característica NTF destacaram-se as famílias 8 e 16 com as menores médias, sendo estatisticamente similares ao genitor BGH 1989 e a família 28 com a maior média, estatisticamente igual ao genitor 'Santa Clara' (Tabela 23).

Com relação à característica MTF a família 24 se destacou, com produção média de 5400 gramas por planta. Esta família diferiu do genitor BGH 1989 e não diferiu do genitor 'Santa Clara' (Tabela 23).

Para MMF verificou-se a existência de seis famílias com médias similares ao genitor 'Santa Clara', diferindo estatisticamente do genitor BGH 1989. Já para a característica AP verificou-se a existência de famílias com valores intermediários aos genitores, sendo estatisticamente diferentes a estes (Tabela 23).

Já para DE o destaque foi a família 19, com o maior valor, sendo estatisticamente superior aos dois genitores (Tabela 23).

Tabela 23. Médias¹ de seis características avaliadas em 37 famílias F₆ e nos genitores BGH 1989 e 'Santa Clara'.

Família	CFo ²		AP	DE		NTF		MTF		MMF	
1	30,33	a	0,93	18,66	ab	43,67	ab	3052,92	a	69,97	a
2	30,57	a	1,00	19,28	ab	36,08	ab	3046,17	a	84,91	a
3	29,43	a	0,52	20,07	ab	46,42	ab	3269,69	a	70,49	a
4	29,10	a	1,01	25,21	ab	38,06	ab	3340,28	a	88,66	a
5	28,37	a	0,54	16,69	ab	46,00	ab	2960,42	a	64,40	a
6	33,10	a	1,22	20,06	ab	40,92	ab	3753,42	ab	91,87	a
7	30,07	a	0,76	19,64	ab	42,25	ab	3135,17	a	74,01	a
8	34,70	a	0,95	21,49	ab	25,36	b	3467,36	ab	136,47	b
9	29,17	a	0,81	18,64	ab	32,89	ab	4185,00	ab	129,05	b
10	27,83	a	0,62	20,85	ab	35,42	ab	2899,25	a	80,93	a
11	30,83	a	0,93	22,46	ab	39,25	ab	3872,25	ab	99,66	ab
12	27,43	a	1,23	19,82	ab	51,17	ab	3936,75	ab	77,18	a
13	36,10	a	0,90	18,55	ab	53,61	ab	4099,31	ab	78,56	a
14	32,03	a	0,68	21,66	ab	46,33	ab	3443,06	ab	74,95	a
15	29,33	a	0,98	19,06	ab	28,33	ab	3425,08	ab	120,24	b
16	30,50	a	1,07	18,15	ab	24,75	b	3308,75	a	134,65	b
17	30,00	a	0,73	19,27	ab	50,58	ab	3789,00	ab	75,20	a
18	26,74	a	0,67	18,37	ab	44,83	ab	3676,67	ab	81,84	a
19	33,67	a	1,00	29,36		40,08	ab	3670,00	ab	92,09	a
20	28,17	a	0,99	21,62	ab	36,42	ab	3321,33	a	91,00	a
21	25,83	a	0,65	20,42	ab	31,58	ab	2898,50	a	94,24	a
22	27,50	a	0,70	16,94	ab	41,97	ab	3749,42	ab	89,52	a
23	30,67	a	1,08	17,39	ab	29,17	ab	3636,25	ab	125,61	b
24	29,17	a	0,67	19,15	ab	51,92	ab	5400,69	b	105,30	b
25	29,50	a	0,66	19,80	ab	46,17	ab	3950,25	ab	85,59	a
26	29,83	a	0,67	17,94	ab	49,61	ab	3927,22	ab	78,84	a
27	30,63	a	0,58	22,45	ab	47,83	ab	3115,00	a	65,17	a
28	26,83	a	0,60	20,80	ab	61,69	a	3981,39	ab	65,08	a
29	31,33	a	0,79	18,59	ab	48,53	ab	4265,83	ab	89,52	a
30	24,77	a	0,61	17,31	ab	49,56	ab	3480,67	ab	73,14	a
31	27,57	a	0,72	18,48	ab	55,28	ab	4223,47	ab	77,02	a
32	33,90	a	0,77	20,87	ab	49,31	ab	4295,94	ab	87,22	a
33	34,40	a	0,82	20,59	ab	51,33	ab	4057,50	ab	79,17	a
34	34,02	a	1,16	22,74	ab	34,17	ab	3328,50	a	97,43	a
35	30,17	a	1,04	18,74	ab	42,92	ab	3658,83	ab	85,85	a
36	28,67	a	1,09	17,63	ab	36,58	ab	3397,58	a	92,93	a
37	33,53	a	0,69	17,62	ab	45,50	ab	3942,33	ab	87,33	a
1989	27,17	a	0,61	19,83	a	47,03	a	3802,72	a	80,65	a
St ^a Clara	47,57	b	1,48	21,41	b	40,11	b	4774,17	b	119,70	b

¹Médias seguidas pela letra "a" não diferem do genitor BGH 1989, pela letra "b" não diferem do genitor 'St^a Clara', pelas letras "ab" não diferem dos genitores BGH 1989 e 'St^a Clara' simultaneamente e seguidas por nenhuma letra diferem d dos genitores BGH 1989 e 'St^a Clara' simultaneamente, pelo teste de Dunnett ao nível de 5% de probabilidade.

²CFo: comprimento da folha (cm); AP: altura da planta (m); DE: diâmetro do entrenó (mm); NTF: número total de frutos (frutos/planta); MTF: massa total dos frutos (g/planta); MMF: massa média dos frutos (g/fruto).

4.2.2 – Seleção entre famílias F6 anãs para massa total de frutos

Os ganhos por seleção preditos foram obtidos para seleção entre médias de famílias por seleção direta em MTF. Foram realizadas duas intensidades de seleção, 10% e 20% das famílias, o que correspondeu a seleção de 4 e 8 famílias, respectivamente.

Para a intensidade de seleção de 10% a estimativa do ganho foi de aproximadamente 525 gramas de frutos por planta ou 14,39% em relação à média das famílias F₆ (Tabela 24). Já para a intensidade 20% o ganho estimado foi de aproximadamente 389 gramas por planta ou 10,66% em relação à média das famílias (Tabela 25).

Como este resultado foi obtido a partir de apenas um cruzamento com uma cultivar comercial, pode-se considerar que os ganhos estimados para as duas intensidades de seleção foram bastante satisfatórios. Além disto, verificou-se grande redução na altura da planta, aproximadamente em 40% em relação à altura do genitor comercial (Tabela 23). Tal fato implica em considerável redução nos custos de produção do tomate destinado ao consumo *in natura*, pois o tutoramento da cultura é fator determinante de pelo menos 30% no custo total (Agrianual 2010).

Além disto, verifica-se que com a seleção das famílias propostas, mais do que obter ganho na produção por planta, pode-se manter uma significativa variabilidade para as demais características avaliadas (Tabelas 26 e 27). Assim, estas famílias podem ser utilizadas em trabalhos visando avaliar o comportamento de plantas anãs sob diferentes densidades, bem como participar de um programa de cruzamentos controlados objetivando a obtenção de cultivares para os mais diversos grupos de tomate comercializados no Brasil e no Mundo.

Para tanto, as plantas mais promissoras quanto a MTF poderão compor nova etapa do programa de melhoramento, onde, a realização de no mínimo três cruzamentos com genótipos superiores permitirá, após abertura de grandes populações segregantes, a obtenção de linhagens anãs produtivas com boas características de fruto e resistência múltipla à doenças.

Tabela 24. Respostas para massa total dos frutos (MTF) esperadas pela seleção convencional entre famílias F₆ de tomateiro, derivadas de cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH1989, em intensidade de seleção de 10%.

Parâmetros	MTF
Médias das famílias selecionadas (g/planta)	4546,48
Diferencial de seleção (g/planta)	898,88
Ganho de seleção (g/planta)	525,01
Ganho de Seleção (%)	14,39

Tabela 25. Respostas para massa total dos frutos (MTF) esperadas pela seleção convencional entre famílias F₆ de tomateiro, derivadas de cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH1989, em intensidade de seleção de 20%.

Parâmetros	MTF
Médias das famílias selecionadas (g/planta)	4313,64
Diferencial de seleção (g/planta)	666,04
Ganho de seleção (g/planta)	389,01
Ganho de Seleção (%)	10,66

Tabela 26. Médias para seis características morfoagronômicas de famílias F₆ selecionadas com base na massa total dos frutos (MTF), derivadas de cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH1989, em intensidade de seleção de 10%.

Famílias	CFo ¹	AP	DE	MTF	NTF	MMF
24	29,17	0,67	19,15	5400,70	51,92	105,3
32	33,90	0,77	20,87	4295,94	49,31	87,22
29	31,33	0,79	18,59	4265,83	48,53	89,52
31	27,57	0,72	18,48	4223,47	55,28	77,02
BGH 1989	27,17	0,61	19,83	3802,72	47,03	80,65
'St ^a Clara'	47,57	1,48	21,41	4774,17	40,11	119,70

¹CFo: comprimento da folha (cm); AP: altura da planta (m); DE: diâmetro do entrenó (mm); NTF: número total de frutos (frutos/planta); MTF: massa total dos frutos (g/planta); MMF: massa média dos frutos (g/fruto).

Tabela 27. Médias para seis características morfoagronômicas de famílias F₆ selecionadas com base na massa total dos frutos (MTF), derivadas de cruzamento entre 'Santa Clara' e BGH1989, em intensidade de seleção de 20%.

Família	CFo ¹	AP	DE	MTF	NTF	MMF
24	29,17	0,67	19,15	5400,70	51,92	105,3
32	33,90	0,77	20,87	4295,94	49,31	87,22
29	31,33	0,79	18,59	4265,83	48,53	89,52
31	27,57	0,72	18,48	4223,47	55,28	77,02
9	29,17	0,81	18,64	4185,00	32,89	129,05
13	36,1	0,90	18,55	4099,31	53,61	78,56
33	34,4	0,82	20,59	4057,50	51,33	79,17
28	26,83	0,60	20,80	3981,39	61,69	65,08
BGH 1989	27,17	0,61	19,83	3802,72	47,03	80,65
'St ^a Clara'	47,57	1,48	21,41	4774,17	40,11	119,70

¹CFo: comprimento da folha (cm); AP: altura da planta (m); DE: diâmetro do entrenó (mm); NTF: número total de frutos (frutos/planta); MTF: massa total dos frutos (g/planta); MMF: massa média dos frutos (g/fruto).

5.0 – CONCLUSÕES

- A herança do porte da planta em tomateiro, derivada do cruzamento entre BGH 1989 e 'Santa Clara' é monogênica, sendo o fenótipo anão recessivo;
- A herança do hábito de crescimento em tomateiro, derivada do cruzamento entre BGH 1989 e 'Santa Clara' é monogênica, sendo o fenótipo hábito determinado recessivo;
- A herança das características comprimento da folha, comprimento do entrenó, diâmetro do entrenó, número total de frutos, massa total dos frutos e massa média dos frutos é quantitativa.
- A característica porte da planta tem correlação positiva com o comprimento da planta, comprimento do entrenó, número total de frutos, massa total dos frutos e massa média dos frutos, ou seja, plantas anãs, em média, têm folhas e entrenós menores e tem sua produção e tamanho do fruto reduzidos.
- Foi possível obter ganhos de aproximadamente 10 e 14% na massa total de frutos utilizando 20 e 10% de intensidade de seleção, respectivamente;
- A exploração comercial do nanismo derivado da subamostra BGH 1989 em tomateiro poderá ter sucesso, principalmente, utilizando concomitantemente o adensamento do cultivo.

6.0 – REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCSEM, 2008. **Tomate lidera crescimento e lucratividade no setor de hortaliças**. Web <http://www.abcsem.com.br/noticia.php?cod=284>. Acessado em 25/06/2010.

ADELANA, B.O. Effects of plant density on tomato yields in western Nigeria. **Experimental Agriculture**, v.12, p.43-47.

AGRIANUAL 2010. **Anuário da agricultura brasileira**. Campo Grande: FNP Consultoria e Comércio, 2010. 564 p.

ALFENAS, A.C.; ZAUZA, E.A.V.; MAFIA, R.G.; ASSIS, T.F. **Clonagem e doenças do Eucalipto**. Viçosa, MG. Editora UFV, 2004. 442p.

ALLAN, R.E.; VOGELI, O.A.; CRADDOCK, J.C. Comparative response to gibberellic acid of dwarf, semidwarf and standard short and tall winter wheat varieties. **Agronomy Journal**, v.51, p.737-740, 1959.

ALVARENGA, M.A.R. **Cultivares**. In: ALVARENGA, MAR. Tomate: produção em campo, em casa-de-vegetação e em hidroponia. Editora UFLA, MG, 2004, p. 39-59.

ALZATE-MARIN, A.L.; CERVIGNI, G.D.L.; MOREIRA, M.A.; BARROS, E.G. Seleção assistida por marcadores moleculares visando ao desenvolvimento de plantas resistentes a doenças, com ênfase em feijoeiro e soja. **Fitopatologia Brasileira**, v.30, n.4, p.333-342, 2005.

ARAGÃO, F.A.S.; GIORDANO, L. de B.; MELO, P.C.T.; BOITEUX, L.S. Desempenho de híbridos experimentais de tomateiro para processamento industrial nas condições edafo-climáticas do cerrado brasileiro. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 22, n. 3, p. 529-533, jul-set 2004.

ARAUS, J.L.; SLAFER, G.A.; REYNOLDS, M.P.; ROYO, C. Physiology of Yield and Adaptation in Wheat and Barley Breeding. In: NGUYEN, H.T.; BLUM, A. **Physiology and Biotechnology Integration for Plant Breeding**. Universitat de Barcelona, Barcelona, 2004, cap.1, p. 1-50

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

BARTON, D.W.; BUTLER, L.; JENKINS, J. A.; RICK, C. M.; YOUNG, P. A. **The Journal of Hereditary**, v.46, p. 22-26, 1955.

BERTAN, I.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, A.C.; SILVA, J.A.G. da; BENIN, G.; VIEIRA, E.A.; SILVA, G.O. da; HARTWIG, I.; FINATTO, T. Caracteres associados a estatura de planta com o uso de ácido giberélico em genótipos de trigo em cultivo no estado do Paraná. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.11, p.33-37, 2005.

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

BINDLOSS, E. A developmental analysis of cell length as related to stem length. **American Journal of Botany**, v.29, p.179-188, 1942.

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

BUTLER, L. The Linkage map of the tomato. **The Journal of Hereditary**, v.43, p. 25-35, 1952.

CAMARGO, C.E.O. Melhoramento do trigo. IX. Estudo genético de fontes de nanismo. **Bragantia**, Campinas, v.43, n.2, p.591-603, 1984.

CAMPBELL, C.M. New dwarf and modifiers. In: AN. HY. CORN IND. CONF., 20, Washington. **Proceedings**...Washington, 1965. p.22-30.

CAMPOS, J.P.; BELFORD, C.C.; GALVÃO, J.D.; FONTES, P.C.R. Efeito da poda da haste e da população de plantas sobre a produção do tomateiro. **Revista Ceres**. v.34, p.198-208, 1987.

CANCI, P.C.; CARVALHO, F.I.F. de; BARBOSA NETO, J.F.; OLIVEIRA, M.A.R. de; FRANCO, F.A. Diferentes ambientes para a avaliação de sensibilidade ao ácido giberélico em genótipos de trigo (*Triticum aestivum* L.). **Ciência Rural**, v.27, p.21-25, 1997.

CARVALHO, A.; MEDINA FILHO, H.P.; FAZUOLI, L.C.; COSTA, W.M. da. Número de locos e ação gênica de fatores para porte pequeno em *Coffea Arabica* L. **Bragantia**, v.43, p. 425-442, 1984.

CARVALHO, J.O.M.; LUZ, J.M.Q.; JULIATTI, F.C.; MELO, L.C.; TEODORO, R.E.F.; LIMA, L.M.L. Desempenho de famílias e híbridos comerciais de tomateiro para processamento industrial com irrigação por gotejamento. **Horticultura Brasileira**, v.21, p.525-533, 2003.

CLAYBERG, C.D.; BUTLER, L.; RICK, C. M.; YOUNG, P. A. Second list of known genes in the tomato. **The Journal of Hereditary**, v. 51, p. 167-174, 1960.

COOK, O.F. Brachysm, a hereditary deformity of cotton and other plants. **Journal of agriculture Research**, v.3, p.387-399, 1915.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: aplicativo computacional em genética e estatística**. Viçosa: Editora UFV, 2001. 442p.

CRUZ, C.D. **Princípios de genética quantitativa**. Viçosa, UFV, 2005, 394p.

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados melhoramento genético**. Viçosa: Imp. Uni. 2003, v. 2, 585p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados melhoramento genético**. 2ª Ed. Viçosa: Imp. Uni. 2001, v. 1, 390p.

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: Ed. UFV, 2004, 480p

DEAN, C.A.; COTTERILL, P.P.; CAMERON, J.N. Genetic parameters and gains expected from multiple trait selection of radiata pine in Eastern Victoria. Melbourne: **Australian Forest Research**, v.13, p.217-278, 1983.

DORNELLES, A.L.C.; CARVALHO, F.I.F. de; FEDERIZZI, L.C.; SERENO, M.J.C.; AMARAL, A.; MITTELMANN, A. Avaliação simultânea para tolerância ao alumínio e sensibilidade ao ácido giberélico em trigo hexaplóide. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.32, p.893-896, 1997.

ELDRIDGE, K.; DAVIDSON, J.; HARDWOOD, C. **Eucalypt domestication and breeding**. Oxford: Clarendon Press, 1993. 288p.

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

EYSTER, W.H. Heritable characters in maize – XLVIII Dwarf₆. **Journal of Heredity**, v.25, p.191-193, 1934.

FALCONER, D.S.; MACKAY, T.F.C. **Introduction to quantitative genetics**. 4.ed. London: Longman, 1996. 464p.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Trad. De Martinho de Almeida e Silva e José Carlos Silva. Viçosa, MG: UFV, 1987. 279p.

FEDERIZZI, L.C.; CARVALHO, F.I.F. de; OLIVEIRA, M.A.R. de; MILACH, S. Avaliação da resposta de genótipos de trigo (*Triticum aestivum* L.) de diferentes estaturas à aplicação de ácido giberélico no estágio de plântula. **Revista do Centro Ciências Rurais**, v.18, p.149-161, 1988.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo manual de Olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças**. 2ª ed. Viçosa: Editora UFV, 2000. 402p.

FONTES, P.C.R.; SILVA, D.J.H. **Produção de tomate de mesa**. 1. ed. Viçosa: Aprenda Fácil, 2002. 193p.

GADNER, R. Innovations in grape tomato breeding. In: Tomato Breeders Roundtable, 2007, Pennsylvania. **Anais**. Pennsylvania: The Pennsylvania State University, University Park, 2007. p.21. Disponível em: <http://tgc.ifas.ufl.edu/TBRTMeetings.htm>. Acesso em: 29 mar. 2009.

GALE, M.D.; GREGORY, R.S. A rapid method for early generation selection of dwarf genotypes in wheat. **Euphytica**, v.26, p.733-738, 1977.

GALE, M.D.; MARSHALL, G.A.; RAO, M.V. A classification of the 'Norin10' and 'Ton thumb' dwarfing genes in British, Mexican, Indian and other hexaploid bread wheat varieties. **Euphytica**, v.30, p.355-361, 1981.

GALSTON, A.W.; DAVIES, P.J. **Mecanismos de controle no desenvolvimento vegetal**. EDUSP, 1972. 171p.

GIORDANO, L.B.; SILVA, J.B.C.; BARBOSA, V. Escolha de cultivares e plantio. In: GIORDANO, L.B.; SILVA, J.B.C. **Tomate para processamento industrial**. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000, 168p.

GIORDANO, L.B.; RIBEIRO, C.S.C. Origem, botânica e composição química do fruto. In: GIORDANO, L.B.; SILVA, J.B.C. **Tomate para processamento industrial**. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia, 2000, 168p.

GUIMARÃES, M.A.; LUCA, C.A.C.; SAMPAIO JUNIOR, J.D.; MARIM, B.G.; SILVA, D.J.H. Análise de métodos de condução de tomateiro visando maximizar a produção de frutos do grupo santa cruz. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 20, suplemento CD-ROM, julho 2002.

HALLAUER, A.R.; MIRANDA FILHO, J.B. **Quantitative genetics in maize breeding**. Ames: Iowa State University Press, 1981. 468p.

HANSCH, P.E.; HESSE, CO.; BEUTEL, J.; BERES, W.; DOYLE, J. The commercial potential of dwarf fruit trees. **California Agriculture**, v.33, p.4-6, 1979.

HICKS, G.R.; RAYLE, D.L.; LOMAX, T.L. The diageotropica mutant of tomato lacks high specific activity auxin binding sites. **Science**, v.245, p.52-54, 1989.

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

JUNGHANS, D.T.; ALFENAS, A.C.; BROMMONSHENKEL, S.H.; ODA, S.; MELLO, E.J.; GRATTAPAGLIA, D. Resistance to rust (*Puccinia psidii* Winter) in Eucalyptus mode of inheritance and mapping of a major gene with RAPD markers. **Theoretical and Applied Genetics**. v.108, p.175-180, 2003.

KELLY, M.O.; BRADFORD, K.J. Insensitivity of the diageotropica tomato mutant to auxin. **Plant Physiology**, v.82, p.713-717, 1986.

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

KEMPTON, J.H. Heritable characters of maize. III. Brachytic culm. **Journal of Heredity**, v.11, p.111-115, 1920.

KOORNNEEF, M.; BOSMA, T.D.G.; HANHART, C.J.; VAN DER VEEN, J.H.; ZEEVAART, J.A.D. The isolation and characterization of gibberellin-deficient mutants in tomato. **Theoretical and Applied Genetics**, v.80, p.852-857, 1990.

LEE, A.E. Comparative growth of excised tomato roots of clones carrying dwarf and normal alleles. **American Journal of Botany**, v.45, p.744-748, 1958.

LI, H.W. Heritable characters in maize. **Journal of Heredity**, v.24, p.279-281, 1933.

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

LIU, B.H. **Statistical Genomics: linkage mapping and QTL analysis**. Boca raton, Florida, USA: CRC Press, 1997, 610p.

LYNCH, M.; WALSH, B. **Genetics and analysis of quantitative traits**. Sunderland, USA: Sinauer Associates, Inc.Ed., 1998, 978p.

MACHADO, A.Q.; ALVARENGA, M.A.R.; FLORENTINO, C.E.T. Produção classificada de tomate italiano (saladete) sob diferentes densidades de plantio e sistemas de poda visando ao consumo *in natura*. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, suplemento CD-ROM, julho 2003.

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

MARIM, B.G. **Diversidade genética e subcoleção representativa dos acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa**. 2007. 53p. Dissertação (Mestrado) - Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

MARIM, B.G.; SILVA, D.J.H.; CARNEIRO, P.C.S.; MIRANDA, G.V.; MATTEDI, A.P.; CALIMAN, F.R.B. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, p.1283-1290, 2009.

MARIM, B.G.; SILVA, D.J.H.; GUIMARÃES, M.A.; BELFORT, G. Sistemas de tutoramento e condução do tomateiro visando produção de frutos para consumo *in natura*. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.951-955, 2005.

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

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

MELO, P.C.T.; RIBEIRO, A. Produção de sementes de tomate: cultivares de polinização livre e híbridos. In: CASTELLANE, P.D.; NICOLOSI, W.M.; HASEGAWA, M. **Produção de sementes de hortaliças**. Jaboticabal, FCAV/FUNEP, 1990.

MELO, P.C.T. Desenvolvimento sustentável da cadeia produtiva do tomate para consumo *in natura* no Brasil e os desafios do melhoramento genético. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 21, n. 2, julho, 2003 – Suplemento CD.

MELO, P.C.T.; VILELA, N.J. Desafios e perspectivas para a cadeia brasileira do tomate para processamento industrial. **Horticultura Brasileira**, v.23, p.154-157, 2005.

OLIVEIRA, V. R.; CAMPOS, J. P.; FONTES, P. C. R.; REIS, F. P. Efeito do número de hastes por planta e poda apical na produção classificada de frutos de tomateiro. **Ciência e Prática**. v.19, p.414-419, 1995.

ORTIZ-CERECERES, J.; ANGELES, H.H.; VASQUEZ, M.A. **Formación de variedades braquíticas de maíz para el tropico mejicano**. México:INIA, 1973. 15p.

PATERNIANI, E. Avaliação de populações e híbridos braquíticos de milho. **Relatório Científico**. Instituto de Genética, ESALQ, v.16, p.97-104, 1982.

PELTON, J.S. Genetic and morphogenetic studies of Angiosperm single-gene-dwarf. **Botanical Review**, p.479-512, julho-setembro.1964.

PLUMMER, T.H.; TOMES, M.L. Effects of indoleactetic acid and gibberellic acid on normal and dwarf tomatoes. **Botanical Gazette**, v.119, p.197-200, 1958.

PRINCE, H.L.; DRINKARD, A.W. Inheritance in tomato hybrids. **Virginia Agr. Exp. Sta**, Bull, v.177, p.1-53, 1908.

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

RICK, C.M. The grafting relations of wilty dwarf, a new tomato mutant. **The American Naturalist**, v.86, p.173-184, 1952.

RICK, C.M. Biosystematic studies in *Lycopersicon* and closed related species of *Solanum*. In: HAWKES, J.G; LESTER, R.N; SKELDING, A.D. (Ed.). **The biology and taxonomy of the Solanaceae**. London: Academic Press, 1979. p. 667-677.

ROCHA, R.B.; RAMALHO, A.R.; VIEIRA JÚNIOR, J.R.; VIEIRA, A.H. Avaliação genética de características oligogênicas em programas de melhoramento de plantas. **Saber científico**, v.1, p.267-277, 2008.

RUTGER, J.N.; PETERSON, M.L. Improved short stature rice. **California Agriculture**, v.30, p.4-6, 1976.

SCHUSTER, I.; CRUZ, C.D. **Estatística genômica aplicada a populações derivadas de cruzamentos**. Viçosa , MG. Editora UFV, 2004. 585p.

SCOTT, J.W.; HARBAUGH, B.K. Micro-Gold miniature dwarf tomato. **HortScience**, v.30, p.643-644, 1995.

SCOTT, J.W.; HARBAUGH, B.K.; Baldwin, E.A. **'Micro-Tina' and 'Micro-Gemma' miniature dwarf tomatoes..** Horticultural Sciences Department, Florida Cooperative Extension Service, IFAS, University of Florida. 2004, 5p. (University of Florida. Document HS986). Disponível em: <http://edis.ifas.ufl.edu>. Acessado em: 18 set. 2009.

SILVA, S.A.; CARVALHO, F.I.F. de; SILVA, J.A.G. da; OLIVEIRA, A.C. de; CRUZ, P.J.; CAETANO, V.R.; DIAMANTINO, M.S.A.S.; PASSOS, A.R.; VIEIRA, E.A.; SIMIONI, D. Toxicidade do alumínio e efeito do ácido giberélico em linhas quase isogênicas de trigo com o caráter permanência verde e maturação sincronizada. **Ciência Rural**, v.36, p.765-771, 2006.

SOKOLOV, B.P.; DOMASNEV, P.P. Brachytic forms in breeding hybrid maize. **Proceeding All-Union Lenin Academy Agriculture Science**, Russia, n.5, p.2-7, 1968.

STEEL, R.G.D.; TORRIE, J.H.; DICKEY, D.A. **Principles and procedures of statistics: a biometrical approach**. 3a.Ed. New York: McGraw- Hill, 1997. 666p.

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

TIGCHELAAR, E.C. Tomato breeding. In: BASSET, M.J. **Breeding vegetable crops**. University of Florida, Florida, 1986. 584p.

VALVA, F.D.; PATERNIANI, E. Comportamento de um cruzamento entre duas cultivares de milho braquítico-2. In: REUNIÃO BRASILEIRA DE MILHO E SORGO, 21, Piracicaba. **Anais...** Piracicaba, 1976. p.81-82.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIEGAS, G.P. (Eds.). **Melhoramento e produção do milho**. 2.ed. Campinas: Fundação Cargill, v.1, cap.5, p.137-214. 1987.

VIANA, J.M.S.; CRUZ, C.D.; BARROS, E.G. Genética. v.1 – Fundamentos. Editora UFV, 2 ed., Viçosa, 2003, 330p.

VIJAYALAKSHMI, S.; YADAV, K.; KUSHWAHA, C.; SARODE, S.B.; SRIVASTAVA, C.P.; CHAND, R.; SINGH, B.D. Identification of RAPD markers linked to the rust (*Uromyces fabae*) resistance gene in pea (*Pisum sativum*). **Euphytica**, v.144, p.265-274, 2005.

WARNOCK, S.J. A review of taxonomy and phylogeny of the genus *Lycopersicon*. **Horticultural Science**, v. 23, n. 4, p. 669-673, 1988.

YOUNG, P.A.; MACARTHUR, J.W. **Horticultural characters of tomato**. Texas Agr. Exp. Sta., 1947, 38p. (Bull 698).

YU, K.; PARK, S.J.; POYSA, V. Marker assisted selection of common beans for resistance to common bacterial blight: efficacy and economics. **Plant breeding**, v.199, p.411-415, 2000.

YUKIO, Y.; KIYOSHI, O.; Varietal difference in internode length of tomato, and inheritance and adaptability to tomato cultivation of the short-internode character. **Bulletin of the Nagano Chushin Agricultural Experiment Station**, v.16, p.17-28, 2001.

ZANETTE, V.A.; PATERNANI, E. Efeito do gene braquítico-2 em populações melhoradas de milho de porte baixo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.27, p.1173-1181, 1992.

ZOBEL, B.; JETT J. B. **Genetics of wood production**. Berlin: Springer-Verlag, 1995. 337p.

ZOBEL, R. W. Genetic control of root systems. In: WAISEL, Y.; ESHEL, A. (Eds). **Plant, roots: the hidden half**. New York: Basel; Hong Kong: Marcel Dekker, p.27-38, 1991.