

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

HUGO GABRIEL PERES

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE TOMATEIRO ANÃO DO  
TIPO SALADA

Monte Carmelo  
2019

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

HUGO GABRIEL PERES

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE TOMATEIRO ANÃO DO  
TIPO SALADA

Trabalho de Conclusão apresentado ao curso de Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, como requisito necessário para a obtenção do grau de Engenheiro Agrônomo.

Orientador: Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel

Monte Carmelo  
2019

HUGO GABRIEL PERES

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES DE TOMATEIRO ANÃO DO  
TIPO SALADA

Trabalho de Conclusão apresentado ao curso de Agronomia da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, como requisito necessário para a obtenção do grau de Engenheiro Agrônomo.

Monte Carmelo, 10 de dezembro de 2019

Banca Examinadora

---

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel  
Orientador

---

Profa. Dra. Ana Carolina Silva Siquieroli  
Membro da Banca

---

Prof. Dr. Douglas José Marques  
Membro da Banca

Monte Carmelo  
2019

## AGRADECIMENTOS

A minha família e amigos, por me sempre apoiarem, mesmo nos momentos mais difíceis.

A comunidade acadêmica da Universidade Federal de Uberlândia, *campus* Monte Carmelo, por me proporcionar uma formação de qualidade. Em especial, a todos os docentes e técnicos do curso de Agronomia.

Ao Grupo de Estudos em Melhoramento Genético de Hortaliças (GEN-HORT), principalmente ao Prof. Gabriel Maciel, Rafael Finzi e Maurício Momesso.

Ao Sr. José Marques, por todo o auxílio prestado na condução dos experimentos.

Aos professores Ana Carolina Silva Siquieroli e Douglas José Marques, pelas contribuições com o trabalho.

## SUMÁRIO

RESUMO.....	5
1 INTRODUÇÃO.....	6
2 OBJETIVO.....	6
3 REFERENCIAL TEÓRICO.....	7
3.1 CULTURA DO TOMATEIRO.....	7
3.2 MÉTODOS DE AGRUPAMENTO.....	8
3.3 NANISMO EM TOMATEIRO.....	8
4 MATERIAL E MÉTODOS.....	9
5 RESULTADO E DISCUSSÃO.....	11
6 CONCLUSÃO.....	16
REFERÊNCIAS.....	17

## RESUMO

O uso de uma linhagem anã tem se mostrado promissor para obtenção de híbridos de tomateiro. Estudos de diversidade genética por meio de análises multivariadas podem auxiliar melhoristas quanto ao uso e conservação da variabilidade genética disponível. Todavia, não se sabe qual método de análise multivariada é mais adequado para caracterizar um germoplasma de tomateiro anão do tipo salada. Desta forma, objetivou-se comparar a eficiência de diferentes métodos de análise multivariada na determinação da diversidade genética entre populações de tomateiro anão do tipo salada. O experimento foi conduzido entre Janeiro e Junho de 2019, em uma casa de vegetação da Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, em Monte Carmelo-MG. Foi utilizado o delineamento em blocos casualizados com 13 tratamentos e 3 repetições. Avaliou-se 12 populações  $F_2RC_1$  e uma linhagem anã de minitomate. As características utilizadas na determinação da diversidade genética foram: massa média do fruto, diâmetros transversal e longitudinal do fruto, formato do fruto, espessura da polpa, número de lóculos, teor de sólidos solúveis, comprimento dos internódios e altura das plantas. A matriz de dissimilaridade foi calculada com base na distância generalizada de Mahalanobis. Os seguintes métodos foram comparados: Ward, UPGMA, WPGMA, vizinho mais próximo, ligação média dentro do grupo, variáveis canônicas e otimização de Tocher. Os dendrogramas dos métodos hierárquicos foram validados por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC) e cortados em dois pontos (50% e 30%). A maioria dos métodos hierárquicos foram eficientes, com exceção do método de Ward, que apresentou baixo valor do CCC. O agrupamento dos métodos Tocher, variáveis canônicas foi equivalente ao dos métodos hierárquicos UPGMA, WPGMA e ligação média dentro do grupo a 50% e aos métodos UPGMA, WPGMA e do vizinho mais próximo a 30%, com formação de três grupos. A 30%, o método de ligação média dentro do grupo se destacou, com formação de oito grupos.

**Palavras-Chave:** *Solanum lycopersicum* L., análise multivariada, retrocruzamento.

## 1 INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma hortaliça amplamente difundida no mundo. O seu cultivo apresenta elevada importância econômica, nutricional e social. O Brasil está entre os dez maiores produtores de tomate no mundo. Os tomates do tipo salada se destacam no território nacional, representando cerca de 50% da área cultivada visando atender o mercado de consumo *in natura* (NICK; SILVA, 2016).

Genes de nanismo são utilizados por fitomelhoristas com o intuito de melhorar o desempenho de uma cultura em um determinado sistema de cultivo (SEUS, 2015). No caso do tomateiro de hábito de crescimento indeterminado, onde as plantas são submetidas a poda apical a uma altura preestabelecida, o número de pencas, um importante componente de produção, depende basicamente da altura da primeira penca e do comprimento dos internódios (PIOTTO; PERES, 2012; FINZI et al., 2017).

Neste sentido, híbridos provenientes de uma linhagem anã possuem vantagens em relação aos híbridos comerciais, uma vez que apresentam internódios reduzidos e, conseqüentemente, maior número de pencas por metro linear de haste (FINZI et al., 2017). Ademais, estes híbridos possuem elevados níveis de sólidos solúveis nos frutos durante todo o ciclo (FINZI et al., 2019), comportamento não observado em alguns híbridos comerciais (MACIEL et al., 2015a; FINZI et al., 2019).

A dissimilaridade genética entre acessos de bancos de germoplasma, cultivares e populações desenvolvidas em programas de melhoramento pode ser estimada através de metodologias multivariadas, baseadas em dados fenotípicos. Estudos de dissimilaridade genética podem auxiliar melhoristas a definir estratégias de uso e conservação do germoplasma. Diversos métodos de análise multivariada estão disponíveis aos melhoristas, como os métodos de agrupamento dos tipos hierárquico, de otimização e baseados em dispersão gráfica (CRUZ et al., 2011).

Apesar da profusão de métodos disponíveis, não se sabe qual método é mais adequado para estimar a dissimilaridade genética em um germoplasma de tomateiro anão.

## 2. OBJETIVO

Comparar a eficiência de métodos multivariados na determinação da dissimilaridade genética entre populações de tomateiro anão do tipo salada.

### 3 REFERENCIAL TEÓRICO

#### 3.1 CULTURA DO TOMATEIRO

O tomateiro cultivado (*Solanum lycopersicum* L.) é uma planta herbácea e autógama, que tem como centro de origem o continente sul-americano. *Solanum lycopersicum* L. apresenta grande importância econômica, social, nutricional. Além disto, a espécie é frequentemente utilizada em pesquisas da área de biotecnologia (NICK; SILVA, 2016). Pertence à família botânica *Solanaceae*, assim como outras plantas cultivadas, dentre as quais pode-se citar a beringela, a batata, o pimentão e o tabaco (FERNANDEZ-POZO et al., 2015).

As flores são hermafroditas, com corola e estames de coloração amarela e tamanho reduzido. O conjunto de estames forma um cone, dentro do qual estão localizados os carpelos. O pólen é liberado por meio de fendas nas anteras, localizadas no interior do cone. As flores estão alocadas em inflorescências, que podem ser do tipo racemo ou cimeira (NICK; SILVA, 2016).

Estima-se que a área plantada mundialmente alcance a casa dos 4,7 milhões de hectares, produzindo um total de 164 milhões de toneladas (NICK; SILVA, 2016). A tomaticultura brasileira é expressiva, sendo o Brasil o nono maior produtor mundial da hortaliça (FAO, 2016).

Em decorrência da grande diversidade de frutos, a hortaliça é classificada, no Brasil, em grupos comerciais. São eles: Salada, Saladete (Italiano), Santa Cruz, Caqui e Minitomate. Os quatro primeiros grupos são caracterizados por apresentarem frutos maiores em relação ao último e a diferença entre eles está relacionada principalmente ao formato dos frutos. Os frutos dos grupos Salada, Caqui e Santa Cruz possuem formato arredondado, ao passo de que o grupo Saladete apresenta frutos com comprimento pronunciado em relação ao diâmetro. Já o grupo minitomate, conhecido popularmente como tomate cereja é caracterizado por possuir

frutos de menor tamanho, formato variado e sabor adocicado (ALVARENGA, 2013). Os cultivares do grupo Salada apresentam grande expressividade, representando cerca de 51% da área cultivada visando atender o consumo *in natura* (NICK; SILVA, 2016).

### 3.2 MÉTODOS DE AGRUPAMENTO

Na estatística multivariada, os métodos de agrupamento merecem destaque, por sua versatilidade de uso (FERREIRA, 2018). É um tipo de metodologia adequada para programas de melhoramento, onde rotineiramente são avaliadas muitas características simultaneamente. As informações coletadas são expressas na forma de medidas de dissimilaridade (CRUZ et al., 2011).

Basicamente, quanto maior o valor da medida de dissimilaridade, mais contrastantes são os objetos em estudo (FERREIRA, 2018). Tais medidas podem ser utilizadas para estimar a distância genética entre indivíduos ou populações. A medida utilizada varia em função do tipo de dado disponível. Em análises de marcadores moleculares, os dados são binários (ausência ou presença da banda). Por outro lado, em avaliações fenotípicas de desempenho agrônomo, a natureza dos dados é majoritariamente quantitativa. As medidas de dissimilaridade mais utilizadas em estudos de diversidade genética com base em dados quantitativos são a distância euclidiana média e a distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ et al., 2011).

As medidas obtidas podem ser aplicadas em vários métodos, cada qual com seu algoritmo. Em função de não existir critérios aceitos universalmente, diversos métodos foram propostos. Todavia, todos os métodos baseiam-se em dois conceitos principais: semelhança dentro dos grupos e divergência entre grupos. Dentre estes, pode-se destacar os métodos hierárquicos, nos quais os indivíduos são agrupados em várias etapas, originando um dendrograma (FERREIRA, 2018).

### 3.3 NANISMO EM TOMATEIRO

O primeiro relato de nanismo em tomateiro data do início do século 20: Prince e Drinkard (1908) realizaram a primeira descrição completa do gene *d* ou *dl*, cujo nome deriva da palavra da língua inglesa para anão, *dwarf*. Desde então, outros genes foram descritos e atualmente são conhecidos cerca de 20 genes causadores de nanismo em tomateiro (TGRC, 2018).

O fenótipo anão geralmente é expresso devido à insensibilidade ou a deficiências na síntese de hormônios endógenos, como as giberelinas e os brassinosteróides (BISHOP et al., 1996). Os fenótipos expressos por diferentes genes variam desde plantas com internódios curtos e estatura reduzida a plantas com nanismo acentuado e alterações na morfologia foliar e de órgãos reprodutivos (MARIM, 2011).

A principal vantagem atribuída ao uso de genes de nanismo em cultivares comerciais de tomateiro é a redução dos internódios, que dá origem a plantas compactas (MARIM, 2011; FRASCA et al., 2014; FINZI et al., 2017). Na literatura, existem relatos de mutações de nanismo utilizadas tanto em cultivares de polinização aberta (FRASCA et al., 2014) como em híbridos simples (FINZI et al., 2017).

Seus (2015) sugere que plantas de fenótipo anão, por serem mais eretas e ocuparem um menor espaço, poderiam ser cultivadas em maiores densidades e apresentariam menores perdas na colheita mecanizada, realizada pela agroindústria de tomate para processamento. Segundo Lee e Hutton (2018), plantas apresentando o gene *br*, que confere plantas com arquitetura compacta sem alterações significativas na morfologia da planta, aliado a mutação *jointless*, podem viabilizar o uso de colheita mecanizada para tomate de mesa. Nos Estados Unidos, plantas de tomateiro com a presença do gene *br* são conhecidas como *Compact growth habit tomatoes* (FRASCA et al., 2014; LEE; HUTTON, 2018).

#### 4 MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido de Janeiro a Junho de 2019, em casa de vegetação do tipo arco, localizada na Estação Experimental de Hortaliças (18° 42' 19" S, 47° 29' 55" W e altitude de 873 m) da Universidade Federal de Uberlândia-UFU, em Monte Carmelo-MG.

Avaliou-se doze populações anãs da geração  $F_2RC_1$  e uma linhagem anã do tipo minitomate. As populações  $F_2RC_1$  foram obtidas através da autofecundação de plantas da geração  $F_1RC_1$  que, por sua vez, foram obtidas do cruzamento entre a linhagem anã UFU MC TOM1 (MACIEL et al., 2015b) *versus* linhagem pré-comercial UFU-382, seguido de um retrocruzamento com UFU-382. Sementes provenientes de uma planta  $F_1RC_1$ , selecionada fenotipicamente para formato e tamanho de fruto originaram uma população  $F_2RC_1$ .

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno de 200 células, preenchidas com substrato comercial à base de fibra de coco. Aproximadamente 35 dias após a semeadura, as mudas foram transplantadas para vasos de cinco litros contendo substrato comercial a base de fibra de coco. Foi utilizado o delineamento experimental em blocos casualizados com três repetições. As parcelas experimentais foram compostas por seis vasos contendo uma planta cada.

Todos os tratos culturais foram realizados conforme o recomendado para o cultivo do tomateiro em casa de vegetação (ALVARENGA et al., 2013). Em função das plantas anãs apresentarem baixa taxa de brotação e caule ereto (MACIEL et al., 2015b), não foi necessário realizar as operações de desbrota e tutoramento, comumente realizadas em genótipos com hábito de crescimento indeterminado (PIOTTO; PERES, 2012).

As colheitas foram realizadas semanalmente. Características relacionadas aos frutos foram avaliadas em todas as colheitas. Posteriormente, foram calculadas as médias dos valores. Foram avaliadas as seguintes variáveis resposta:

Massa média do fruto (g): razão entre a massa e o número de frutos colhidos na parcela.

Teor de sólidos solúveis totais (°Brix): analisado com Refratômetro Digital Portátil, modelo Atago PAL-1 3810. Resolução do aparelho: 0,2 °Brix.

Diâmetro longitudinal do fruto (cm): distância entre o pedúnculo e a região estilar do fruto, mensurada com auxílio de régua graduada em milímetros, após o corte vertical do fruto.

Diâmetro transversal do fruto (cm): distância horizontal entre as extremidades do fruto. Mensurada na região central do fruto com auxílio de régua graduada em milímetros, após corte vertical do fruto.

Índice de formato do fruto: obtido pela divisão entre o diâmetro transversal e longitudinal do fruto (Diâmetro Transversal/Diâmetro Longitudinal). Maiores valores deste índice indicam frutos mais próximos ao formato de frutos do tipo Salada.

Espessura da polpa (cm): comprimento entre a superfície externa do fruto e o início do lóculo, mensurado na região central do fruto, com régua graduada em milímetros.

Número de lóculos do fruto: contabilizado após corte horizontal dos frutos, realizado de modo a permitir a visualização clara da característica.

Altura da planta (cm): média entre a distância entre o colo da planta e o meristema apical, aferida em duas plantas centrais da parcela, com régua graduada em milímetros.

Comprimento de internódios (cm): obtido pela divisão entre a altura da planta e o número de internódios (altura da planta/[número de nós-1]). Assim como a altura das plantas, o número de nós foi contado em duas plantas centrais da parcela.

As análises multivariadas foram realizadas no *software* GENES (CRUZ, 2013). Utilizou-se a distância generalizada de Mahalanobis como medida de dissimilaridade. Foram avaliados os seguintes métodos multivariados: otimização de Tocher, hierárquico *Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages* (UPGMA), hierárquico do vizinho mais próximo, hierárquico da mediana (*Weighted Pair Group Method using Arithmetic averages* – WPGMA) e variáveis canônicas.

Os dendrogramas gerados pelos métodos hierárquicos foram validados por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC). A significância do CCC foi avaliada por meio do teste *t* de *Student* ao nível de 1% de probabilidade. O corte dos dendrogramas para definição dos grupos foi realizado nos pontos de 50% e 30%.

## 5 RESULTADO E DISCUSSÃO

O material genético analisado apresenta dissimilaridade genética. A maioria dos métodos hierárquicos foram satisfatórios na representação da dissimilaridade, com exceção do método de Ward, que apresentou baixo CCC (Tabela 1). Carneglutti Filho et al. (2008) também encontraram menor valor do CCC do método de Ward frente a outros métodos hierárquicos para estudo de divergência genética entre cultivares de feijão. Relata-se também o uso deste método em germoplasma de trigo (AHARIZAD et al., 2012) e pimenta (PESSOA et al., 2019) porém sem informações sobre o CCC. O método que apresentou maior CCC foi o

UPGMA, rotineiramente utilizado em análises de dissimilaridade genética em tomateiro (MACIEL et al., 2018a; MACIEL et al., 2018b; PEIXOTO et al., 2018).

**Tabela 1.** Coeficientes de Correlação Cofenética (CCC) de métodos hierárquicos utilizados para avaliar a divergência genética entre populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> de tomateiro anão do tipo Salada e linhagem anã de minitomate, com base na distância generalizada de Mahalanobis.

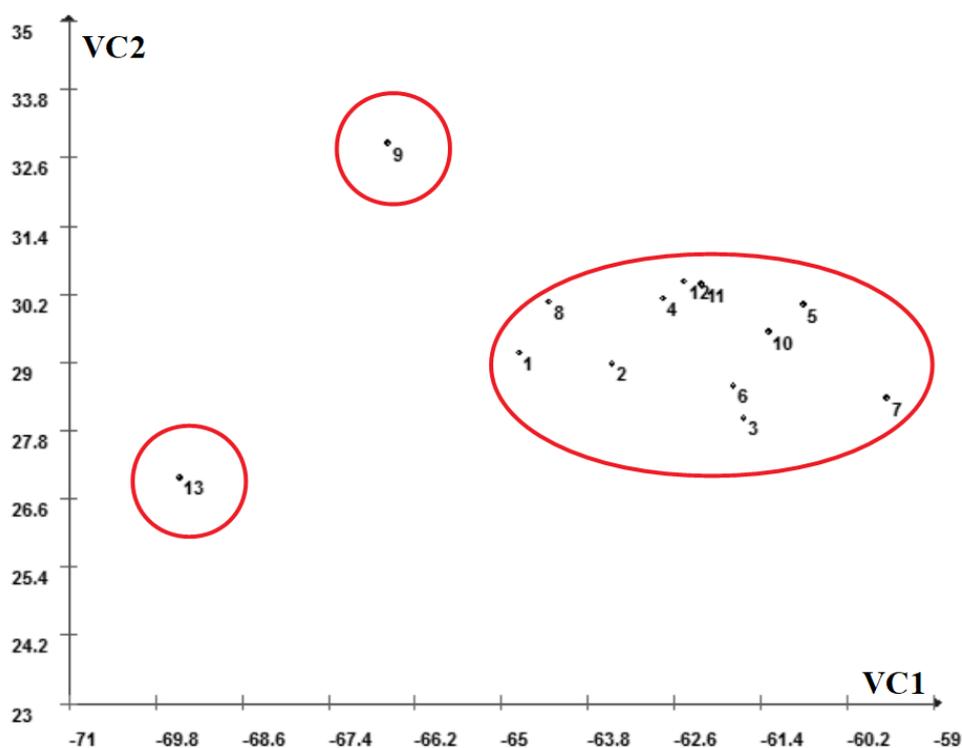
Método Hierárquico	Coeficiente de Correlação Cofenética (CCC)
UPGMA	0,8826**
Ligação média dentro de grupo	0,8566**
WPGMA	0,8801**
Vizinho mais próximo	0,8682**
Ward	0,4778**

\*\* = significativo pelo teste *t* de *Student* ao nível de 1% de probabilidade.

Os métodos de Tocher e Variáveis canônicas agruparam as populações e a linhagem em três grupos distintos. A população UFU-DTOM09 apresentou dissimilaridade com relação as demais populações e ao genitor doador (Figura 1; Tabela 2). Coerência com estes resultados foram observadas nos métodos hierárquicos *UPGMA* (Figura 2), ligação média dentro de grupo (Figura 3) e *WPGMA* (Figura 4), com ponto de corte dos dendrogramas em 50% e no método do vizinho mais próximo com corte em 30%. Maciel et al. (2018a), ao avaliarem genótipos de tomate cereja, também encontraram concordância entre o padrão de agrupamento formado pelos métodos *UPGMA* e Tocher.

Com o corte em 50%, o método do vizinho mais próximo alocou todas as populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> em um grupo e somente UFU MC TOM1 em outro (Figura 5). Diferenças no agrupamento formado pelo método do vizinho mais próximo com relação a outros métodos hierárquicos com o corte dos dendrogramas em 50% também foi observado em soja (TEODORO et al., 2015).

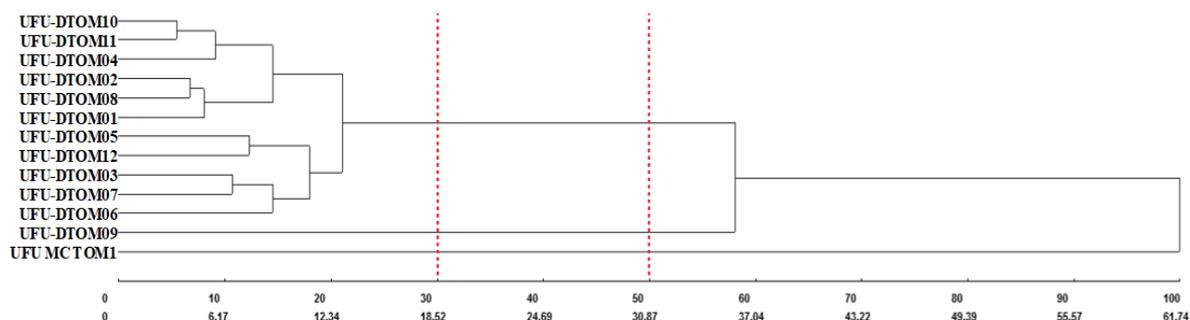
**Figura 1.** Dispersão gráfica dos escores em relação aos dois eixos representativos das duas primeiras Variáveis Canônicas (VC1 e VC2). Os numerais de 1 a 12 indicam as populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> de tomateiro anão do tipo salada (UFU-DTOM-n); o numeral 13 indica a linhagem anã de minitomate (UFUMCTOM1).



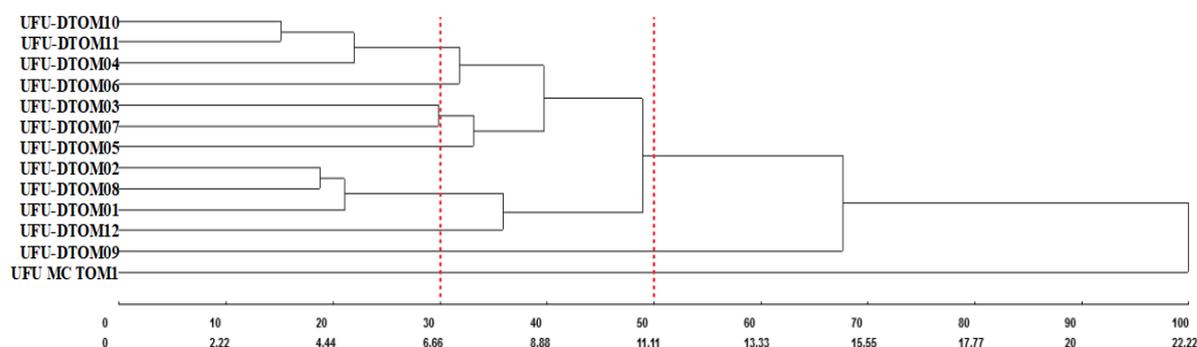
**Tabela 2.** Representação do agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis, estimada a partir de nove características agronômicas, analisadas em populações  $F_2RC_1$  de tomateiro anão do tipo salada (UFU-DTOM-n) e linhagem anã de minitomate (UFU MC TOM1).

Grupos	Indivíduos
I	UFU-DTOM-10, UFU-DTOM-11, UFU-DTOM-04, UFU-DTOM-02, UFU-DTOM-08, UFU-DTOM-06, UFU-DTOM-03, UFU-DTOM-12, UFU-DTOM-05, UFU-DTOM-01 e UFU-DTOM-07
II	UFU-DTOM-09
III	UFU MC TOM1

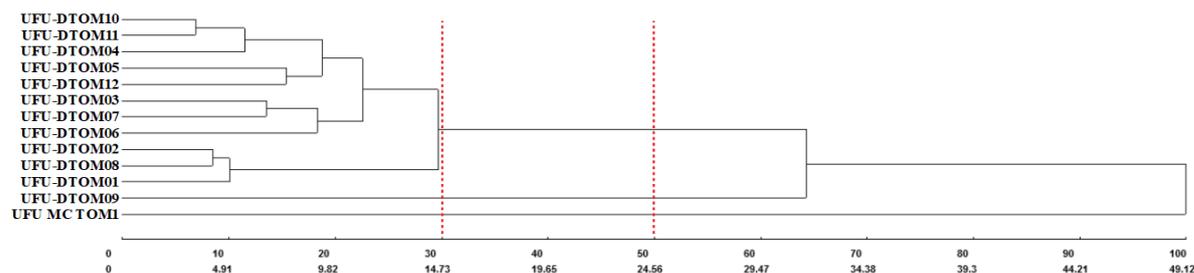
**Figura 2.** Representação da divergência genética entre populações  $F_2RC_1$  de tomateiro anão do tipo Salada (UFU-DTOM-n) e linhagem anã de minitomate (UFU MC TOM1), obtida pelo método hierárquico *Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages* (UPGMA), com base na distância generalizada de Mahalanobis.



**Figura 3.** Representação da divergência genética entre populações  $F_2RC_1$  de tomateiro año do tipo Salada (UFU-DTOM-n) e linhagem añ de minitomate (UFU MC TOM1), obtida pelo método hierárquico de ligação média dentro de grupo com base na distância generalizada de Mahalanobis.

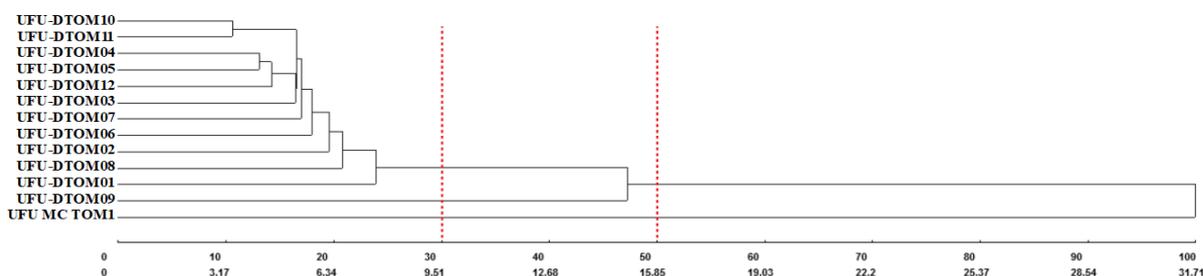


**Figura 4.** Representação da divergência genética entre populações  $F_2RC_1$  de tomateiro año do tipo Salada (UFU-DTOM-n) e linhagem añ de minitomate (UFU MC TOM1), obtida pelo método hierárquico da mediana *Weighted Pair Group Method using Arithmetic averages* (WPGMA) com base na distância generalizada de Mahalanobis.



**Figura 5.** Representação da divergência genética entre populações  $F_2RC_1$  de tomateiro año do tipo Salada (UFU-DTOM-n) e linhagem añ de minitomate (UFU MC TOM1), obtida pelo

método hierárquico do vizinho mais próximo com base na distância generalizada de Mahalanobis.



Ao cortar o dendrograma em 30%, os métodos UPGMA e WPGMA não apresentaram diferença quanto ao padrão de agrupamento formado em 50% (Figura 2; Figura 4). O mesmo não foi observado no método de ligação média dentro de grupo, que formou oito grupos em 30% (Figura 3).

O padrão de agrupamento formado, com as populações  $F_2RC_1$  em grupos distintos de UFU MC TOM1 indica sucesso do primeiro retrocruzamento, visto que este método visa o desenvolvimento de genótipos com apenas uma pequena porcentagem dos alelos do genitor doador (BORÉM; MIRANDA, 2013). Melo et al. (2015), também utilizou características fenotípicas para identificar plantas de maracujá do primeiro retrocruzamento mais divergentes do genitor doador, por meio de métodos de análise multivariada.

## 6 CONCLUSÃO

Conclui-se que os métodos hierárquicos UPGMA, WPGMA, ligação média dentro do grupo e vizinho mais próximo, otimização de Tocher e variáveis canônicas são eficientes para determinar a dissimilaridade genética em germoplasma de tomateiro anão do tipo salada. Com o corte do dendrograma em 30%, o método de ligação média dentro do grupo se destacou, com alto CCC e formação de mais grupos. O método de Ward não se mostrou adequado para tal determinação em função do baixo CCC.

## REFERÊNCIAS

AHARIZAD, S.; SABZI, M.; MOHAMMADI, S. A.; KHODADADI, E. Multivariate analysis of genetic diversity in wheat (*Triticum aestivum* L.) recombinant inbred lines using agronomic traits. **Annals of Biological Research**, v. 3, n.5, p. 2118-2126, 2012.

ALVARENGA, M. A. R. Tomate: produção em campo, em casa-de-vegetação e em hidroponia. Lavras: Editora UFLA, 2013. 455 p.

ARAÚJO, L. F.; ALMEIDA, W. S.; BERTINI, C. H. C. M.; VIDAL NETO, F. C.; BLEICHER, E. The use of different clustering methods in the evaluation of genetic diversity in upland cotton. **Rev. Ciência Agrônômica**, v. 45, n. 2, p. 312-318, 2014.

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**. Barcelona: Universitat de Barcelona. p. 1-50, 2004.

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**, Waterbury, v. 8, n. 6, p. 959-969, 1996.

BORÉM, A.; MIRANDA, G. V. **Melhoramento de plantas**. 6. Ed. Viçosa: Editora UFV, 523p., 2013.

CARNEGLUTTI FILHO, A.; RIBEIRO, N. A.; REIS, R. C. SOUZA, J. R.; JOST, E. Comparação de métodos de agrupamento para o estudo da divergência genética em cultivares de feijão. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 38, n. 8, p. 2138-2145, 2008.

CASSANI, E.; BERTOLINI, E.; BADONE, F. C.; LANDONI, M.; GAVINA, D.; SIRIZZOTTI, A.; PILU, R. Characterization of the first dominant maize mutant carrying a single amino acid insertion in the VHYNP domain of the *dwarf8* gene. **Molecular breeding**, v. 24, p 375-385, 2009.

CRUZ, C. D. GENES: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, Maringá, v. 35, n. 3, p. 271-276, 2013.

CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Editora Suprema, 620p., 2011.

FERNANDEZ-POZO, N.; MENDA, N.; EDWARDS, J. D.; TECLE, I. Y.; STRICKLER, S. R.; BOMBARELY, A.; FISHER-WORK, T.; PUJAR, A.; FOERSTER, H.; YAN, A.; MUELLER, L. A. The Sol Genomics Network (SGN) – from genotype to phenotype to breeding. **Nucleic Acid Research**, Oxford, v. 43, n. D1, p. D1036-D1041, 2015.

FERREIRA, D. F. **Estatística Multivariada**. 3ª ed. Lavras: Editora UFLA, 624p., 2018.

FINZI, R. R.; MACIEL, G. M.; SILVA, E. C.; LUZ, J. M. Q.; BORBA, M. E, A. Agronomic performance of mini-tomato hybrids from dwarf lines. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 41, n. 1, p. 15-21, 2017.

FINZI, R. R.; MARQUEZ, G. R.; MACIEL, G. M.; MOMESSO, M. P.; PEREIRA, L. M.; SILVEIRA, A. J. Soluble solids due to the truss position in minitomato hybrids from dwarf lines. **Agrarian (Online)**, Dourados, v. 12, p. 33-39, 2019.

Food and Agriculture Organization of the United Nations – FAO. 2016. **FAOSTAT**. Disponível em: <[http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries\\_by\\_commodity](http://www.fao.org/faostat/en/#rankings/countries_by_commodity)>. Acesso em: 12 out. 2019.

FRASCA, A. C.; OZORES-HAMPTON, M.; SCOTT, J.; STANLEY, C. D.; MCAVOY, E. Evaluation of compact growth habit tomato breeding lines for the Florida mature-green fresh Market. **Proceedings of the Florida State Horticultural Society**, Winter Haven, v. 127, n. 1, p. 102-108, 2014.

.LEE, T. G.; HUTTON, S. F. Fine mapping of the *brachytic* locus on the tomato genome. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 143, n. 4, p. 239-247, 2018.

MACIEL, G. M.; FERNANDES, M. A. R.; HILLEBRAND, V., AZEVEDO, B. N. R. Influência da época de colheita no teor de sólidos solúveis em frutos de minitomate. **Scientia Plena**, v. 11, n. 12, p. 1-6, nov. 2015a.

MACIEL, G. M.; FINZI, R. R.; CARVALHO, F. J.; MARQUEZ, G. R.; CLEMENTE, A. A. Agronomic performance and genetic dissimilarity among cherry tomato genotypes. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 36, p. 167-172, 2018a.

MACIEL, G. M.; PEIXOTO, J. V. M.; PRISCILA, J.; ALMEIDA, R. S.; OLIVEIRA, C.S.; MENDONÇA, T. F. N. Multivariate techniques in the determination of genetic diversity in pest-resistant mini tomato genotypes. **Horticultura Brasileira**, Vitória da Conquista, v. 36, p. 504-509, 2018b.

MACIEL, G. M.; SILVA, E. C.; FERNANDES, M. A. R. Ocorrência de nanismo em planta de tomateiro do tipo grape. **Revista Caatinga**, Mossoró, v.28, n. 4, p. 259-264, 2015b.

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

MELO, C. A. F.; SOUZA, M. M.; SOUSA, A. G. R. VIANA, A. P. N.; SANTOS, E. A. Multivariate analysis of backcross progeny of *Passiflora* L. (*Passifloraceae*) for pre-breeding genotype selection. **Genetics and Molecular Research**, Ribeirão Preto, v. 14, n. 4, p. 15376-15389, 2015.

NICK, C.; SILVA, D. J. H. Melhoramento de tomate. In: NICK, C.; BORÉM, A. (eds.). **Melhoramento de Hortaliças**. Viçosa: Editora UFV. p. 396-431, 2016.

PESSOA, A. M. S.; RÊGO, E. R.; SILVA, A. P. G.; MESQUITA, J. C. P.; SILVA, A. R.; RÊGO, M. M. Genetic diversity in F3 population of ornamental peppers (*Capsicum annuum* L.). **Revista Ceres**, Viçosa, v. 66, n. 6, p. 442-450, 2019.

PIAO, R.; CHU, S.; JIANG, W.; YU, Y.; JIN, Y.; WOO, M.; LEE, J.; KIM, S.; KOH, H. Isolation and characterization of a dominant dwarf gene, *D-h*, in rice. **PLoS ONE**, v. 9 n. 2 p 1-10, fev., 2014.

PIOTTO, F. A.; PERES, L. E. P.; Base genética do hábito de crescimento e florescimento em tomateiro e sua importância na agricultura. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 42, n. 11, p. 1941-1946, nov. 2012.

PRINCE, H. L.; DRINKARD, A. W. Inheritance in tomato hybrid. **Virginia Agricultural Experiment Station**, Bull, v. 177, p. 1-53, 1908.

SEUS, R. **Introgressão de nanismo em germoplasma de tomate industrial**. 2015. 122 f. Tese (Doutorado em Agronomia/Genética e Melhoramento) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa.

TEODORO, P. E.; RIGON, J. P. G.; TORRES, F. E.; RIBEIRO, L. P. CORRÊA, C. C. G.; SILVA, F. A.; ZANUNCIO, A.; CAPRISTO, D. P.; SIMÕES, M. S.; SOUZA, M. C.; SOUZA, E. C. Comparison of clustering methods for study of genetic dissimilarity in soybean genotypes. **African Journal of Agricultural Research**, v. 10, n. 11, p. 1331-1337, 2015.

**Tomato Genetics Resource Center – TGRC**. 2018. Disponível em: <<https://tgrc.ucdavis.edu/>>. Acesso em: 5 out. 2019.