

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA - UFU
LUIZ BRANDÃO NETO

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES F_2RC_1 DE TOMATEIRO
ANÃO DO TIPO SANTA CRUZ

MONTE CARMELO
MINAS GERAIS - BRASIL
2021

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA - UFU
LUIZ BRANDÃO NETO

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES F_2RC_1 DE TOMATEIRO
ANÃO DO TIPO SANTA CRUZ

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

Orientador (a): Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas
Maciel.

MONTE CARMELO
MINAS GERAIS - BRASIL
2021

LUIZ BRANDÃO NETO

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES F₂RC₁ DE TOMATEIRO
ANÃO DO TIPO SANTA CRUZ

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, 24 de maio de 2021

Banca Examinadora

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel

Orientador

Me. Danilo Araújo Gomes

Membro da Banca

Me. Camila Soares de Oliveira

Membro da Banca

Monte Carmelo

2021

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus por permitir e guiar minha trajetória no curso de graduação em Agronomia na Universidade Federal de Uberlândia.

A minha família, Luiz Antônio (Pai), Luciana (Mãe), Rafael (Irmão), Giovanna (irmã) e Nayara (irmã), que sempre estiveram ao meu lado acreditando e me apoiando.

A minha namorada (Leandra) que sempre esteve ao meu lado desde o meu segundo período. E também à sua família Leondo (sogro), Andrea (sogra), Mariana (cunhada), Artur (cunhado), que me abraçaram como membro da família desde o primeiro momento, já que estou em uma cidade longe de minha família.

Ao professor Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel que me orientou e permitiu minha colaboração na pesquisa com tomates de linhagens anãs, que é inovadora para a atualidade.

Aos colegas, Camila Soares e Danilo Araújo que me acolheram com simpatia, estando sempre dispostos a ajudar em qualquer dúvida ou tarefa a ser realizada no projeto de pesquisa.

Aos colegas do GEN-HORT que colaboraram nos experimentos. Foi uma honra fazer parte de um grupo tão prestigiado perante a comunidade acadêmica.

Ao José Marques (Seu Zé da horta) que sempre está disposto e com alegria no rosto para realização das atividades na Estação Experimental de Hortaliças da UFU, campus Monte Carmelo.

A UFU que proporciona ensino de qualidade com reconhecimento internacional aos seus alunos, agregando um grande valor na vida profissional de todos os egressos.

SUMÁRIO

RESUMO.....	6
1. INTRODUÇÃO	7
2. OBJETIVO	8
3. REFERENCIAL TEÓRICO.....	8
3.1 ASPECTOS GERAIS DO TOMATEIRO.....	8
3.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO.....	10
3.3 DISSIMILARIDADE GENÉTICA E ANÁLISES MULTIVARIADAS	12
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	15
6. CONCLUSÃO	21
REFERÊNCIAS	21

RESUMO

A utilização de linhagens anãs para obtenção de híbridos de mini tomate já é uma realidade que tem proporcionado vantagens agronômicas e econômicas. Entretanto, a exploração dos benefícios proporcionados pela utilização de um parental anão em híbridos de tomateiro do tipo Santa Cruz é desconhecida. Sendo assim, torna-se necessário o desenvolvimento de linhagens anãs do tipo Santa Cruz. Há relatos que o retrocruzamento é um método relativamente rápido e viável para desenvolver tais linhagens. Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a dissimilaridade genética entre populações anãs de tomateiro pertencentes ao segmento Santa Cruz por diferentes técnicas de análise multivariada. O experimento foi conduzido em casa de vegetação na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Monte Carmelo. Utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com doze tratamentos e quatro repetições. O material genético avaliado constituiu-se de onze populações F_2RC_1 de tomateiro anão obtidas por um retrocruzamento, mais o genitor doador. As características avaliadas foram: peso médio, teor de sólidos solúveis, número de lóculos, formato, espessura da polpa, diâmetro longitudinal e transversal do fruto, comprimento entre internódios e altura de plantas. A matriz de dissimilaridade foi obtida pela distância generalizada de Mahalanobis (D^2) e a diversidade genética representada pelos métodos hierárquicos UPGMA, WPGMA e ligação simples e também o método de otimização de Tocher. As validações dos agrupamentos foram determinadas pelo coeficiente de correlação cofenético. Dentre as técnicas de análises multivariadas em estudo, UPGMA e Tocher foram os mais eficientes na confirmação da dissimilaridade genética entre as populações F_2RC_1 anãs e o genitor doador. Ademais, as populações F_2RC_1 anãs apresentaram elevada superioridade relativa para peso médio de fruto, espessura de polpa, diâmetro e comprimento de fruto em relação ao genitor doador.

Palavras-Chave: *Solanum lycopersicum* L., melhoramento de tomateiro, internódio curto.

1. INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum L.*) é a segunda hortaliça mais cultivada e consumida mundialmente. Em 2018, um total de 181 milhões de toneladas de tomate foram cultivadas, ocupando quase cinco milhões de hectares de terras agrícolas (FAO, 2018). Atualmente, o tomateiro é cultivado praticamente no mundo todo, sendo China, Índia e Estados Unidos os maiores produtores mundiais (FAO, 2020). Em 2020, a área destinada à produção de tomate no Brasil foi de aproximadamente 55 mil hectares, com produção estimada em quatro milhões de toneladas (IBGE, 2020).

Além do sabor atrativo, a grande popularidade desta cultura está no fato de a mesma ser uma das mais versáteis quanto a sua forma de consumo e também devido ao seu valor nutricional, com altos teores de vitaminas, minerais e substâncias antioxidantes cujo o consumo está associado à redução da incidência de diversas doenças (Dariva *et al.*, 2020). A grande variabilidade do gênero *Lycopersicum* consumido no Brasil, faz com que o tomateiro seja classificado em cinco grupos comerciais destinados ao consumo *in natura*: Santa Cruz, Caqui, Salada, Saladete e minitomate (Alvarenga, 2013). Dentre estes, o grupo Santa Cruz se destaca por apresentar frutos de maior durabilidade de pós-colheita, alto potencial produtivo, uniformidade de frutos e coloração vermelho intensa (Shirahige *et al.*, 2010).

O tomateiro caracteriza-se como uma cultura exigente em termos de nutrição e manejo, principalmente devido a sua alta suscetibilidade a pragas e doenças (Machado Neto *et al.*, 2019), demandando assim elevado investimento por hectare, caracterizando a cultura como de alto risco financeiro. Neste sentido, pesquisas têm sido realizadas com o intuito de aumentar a produtividade e consequentemente a lucratividade da cultura, como a alteração do espaçamento (Wanser *et al.*, 2012), avaliações quanto ao número de hastes ideal (Matoset *al.*, 2012; Wanser *et al.*, 2012), diferentes metodologias de adubação (Mueller *et al.*, 2013) e introgressão de alelos de resistência a artrópodes praga (Rodrigues-Lopez *et al.*, 2012).

A incorporação de alelos causadores do nanismo, resultando na alteração morfológica do tomateiro é outra estratégia que pode ser utilizada com o objetivo de aumentar a produtividade da cultura (Panthee e Gardner, 2013a, b). Finzi *et al.* (2017a), utilizando um parental anão masculino para obtenção de híbridos de minitomate,

concluíram que a redução dos internódios possibilitou um aumento do número de pencas por metro linear de haste, resultando em híbridos mais produtivos e conseqüentemente maior lucro por planta. Entretanto, as características da referida linhagem não utilizada por Finzi et al. (2017a), com frutos pequenos tipo grape, e formato oblongo (Maciel et al., 2015), inviabilizando a utilização direta desta linhagem na obtenção de híbridos para o segmento Santa Cruz.

Neste sentido, torna-se necessário inicialmente o desenvolvimento de linhagens não com frutos pertencentes ao segmento Santa Cruz, para posterior obtenção dos híbridos. Para o desenvolvimento de tais linhagens, recomenda-se o método dos retrocruzamentos, como realizado por Gonçalves Neto et al. (2010), que ao adotarem ciclos de retrocruzamento entre a espécie selvagem *Solanum pennellii* versus *S. lycopersicum* L, obtiveram linhagens portadoras do alelo desejado e frutos com padrão comercial.

Ademais, em um programa de melhoramento genético, estimar a dissimilaridade genética de uma coleção auxilia o melhorista no planejamento das estratégias mais eficazes para a condução da população segregante, maximizando os ganhos genéticos (Aguilera et al., 2019). Diferentes técnicas podem ser empregadas para representar a dissimilaridade genética em um germoplasma. Dentre as quais podemos destacar a análise de componentes principais, variáveis canônicas e os métodos hierárquicos de agrupamento e otimização, sendo a escolha do método em função da precisão desejada, forma de obtenção dos dados e da facilidade de análise (Cruz et al., 2014).

2. OBJETIVO

Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a dissimilaridade genética entre populações não de tomateiro pertencentes ao segmento Santa Cruz por diferentes técnicas de análise multivariada.

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 ASPECTOS GERAIS DO TOMATEIRO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma planta herbácea pertencente à família Solanácea, e originária da América do Sul, mais precisamente na região andina, principal centro de diversidade da cultura. Da América do Sul o tomate foi levado primeiramente para o México, onde foi domesticado, sendo o México considerado outro possível centro de diversidade da cultura (Clemente e Boiteux, 2012; Salim *et al.*, 2020). O tomate chega a Europa por volta de 1954, sendo utilizado inicialmente como planta ornamental. Acredita-se que o tomate tenha sido utilizado para fins de alimentação apenas em meados do século XVIII pelos italianos (Corrado *et al.*, 2014). No Brasil, sua introdução ocorreu por meio de imigrantes europeus, no fim do século XIX. (Alvarenga, 2013).

O tomate é considerado uma das espécies olerícolas de maior importância e versatilidade mundial, pois além do seu consumo *in natura* também pode ser utilizado no processamento industrial, dando origem a diversas formas de comercialização (Piotto; Peres, 2012). A grande popularidade da cultura está associada também ao seu valor nutricional, sendo o fruto rico em vitaminas, minerais e substâncias antioxidantes, compostos estes associados à redução da incidência de diversas doenças (Dariva *et al.*, 2020).

De maneira geral o tomateiro pode ser classificado em dois grandes grupos: tomate destinado ao consumo *in natura* e o tomate destinado ao processamento industrial. Devido a grande diversidade de frutos consumidos no Brasil, o tomateiro destinado ao consumo *in natura* ainda é classificado em cinco segmentos: Santa Cruz, Caqui, Salada, Saladete e Mini tomates (Alvarenga, 2013). Além de diferenças em relação aos frutos de cada segmento, os dois grandes grupos de classificação, diferenciam-se quanto aos hábitos de crescimento: indeterminado e determinado.

O hábito de crescimento indeterminado ocorre para a maioria das cultivares destinados para o consumo *in natura*. Neste hábito de crescimento ocorre dominância da gema apical sobre as gemas laterais. Assim, a haste principal cresce mais que as ramificações laterais. Além disso, o crescimento vegetativo, produção de flores e frutos se mantem contínuo. Já o hábito de crescimento determinado ocorre principalmente nas cultivares destinadas ao processamento industrial. Neste hábito de crescimento as plantas atingem em média 1,0 m, com sua haste principal terminando em uma inflorescência. O crescimento vegetativo de plantas determinadas é menos vigoroso, com a planta assumindo a forma de moita (Filgueira, 2008).

Quanto aos frutos de tomate, estes são bagas carnosas, suculentas, com aspecto, tamanho e peso variados, conforme a cultivar. A maioria dos frutos apresentam coloração vermelho intenso quando maduros, devido à presença de grandes concentrações de licopeno (Filgueira, 2018).

3.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO

Desde o início da domesticação do tomateiro, até os dias atuais, o melhoramento genético possibilitou uma transformação significativa da cultura. Inicialmente o processo de domesticação provavelmente teve como objetivo a obtenção de frutos maiores, resultantes de mutações espontâneas para o tamanho do fruto. Em comparação com espécies selvagens, o melhoramento genético com foco no tamanho do fruto resultou em um aumento de até mil vezes (TANKSLEY et al., 2004).

Um dos principais eventos do melhoramento genético do tomateiro é relacionado ao hábito de crescimento da cultura, que originalmente era o indeterminado, governado pelo gene *self-pruning* (*SP*) (RICK et al., 1978). Entretanto, uma mutação espontânea deste gene (homozigose recessiva do alelo *sp*) possibilitou a obtenção de plantas com hábito de crescimento determinado (Piotto; Peres, 2012)

Os genótipos de crescimento indeterminado caracterizam-se pela dominância da gema apical e produção contínua de flores e frutos. Tais características fazem com que estes genótipos sejam cultivados majoritariamente por meio de tutoramento com colheita manual dos frutos, sendo estes em sua maioria destinados ao consumo *in natura*. Por outro lado, genótipos de crescimento determinado, caracterizam-se por plantas que atingem até 1.0 m, com sua haste principal terminando em uma inflorescência, sendo cultivados de forma rasteira, e destinados principalmente a indústria, uma vez que a maturação dos seus frutos acontece de forma uniforme, possibilitando a colheita mecanizada (Piotto; Peres, 2012). Os genes *jointless* (Mao et al., 2000) e *ovate* (Liu et al., 2002), estão diretamente relacionados a possibilidade de colheita mecanizada dos genótipos com hábito de crescimento determinado.

A mutação *jointless* resultou na ausência da zona de abscisão do pedicelo. O que conseqüentemente, fez com que os frutos ficassem fortemente retidos na planta, evitando a queda dos mesmos em função de choques mecânicos. Já a mutação *ovate* confere

formato oval aos frutos, favorecendo a colheita e processamento destes frutos pela colhedora (Piotto; Peres, 2012).

A exploração da heterose, a partir da obtenção de híbridos, também se caracterizou como um importante avanço no melhoramento genético do tomateiro, possibilitando maiores ganhos genéticos à cultura. Atualmente, os programas de melhoramento de tomateiro, buscam o desenvolvimento de híbridos, que acumulem alta produtividade e ampla resistência a pragas e doenças além de maior tolerância a fatores abióticos (Gruber, 2017; Lucini *et al.*, 2015).

Ademais, uma das tendências do mercado futuro é o melhoramento visando a obtenção de variedades de tomateiro com reduzido comprimento de entrenó e, conseqüentemente, melhor arquitetura de planta (Sun *et al.*, 2019). Finzi *et al.* (2017a) relataram que a redução de internódios em tomateiro significa aumentar o número de pencas por metro linear de haste. Assim, híbridos com reduzido comprimento de internódios resultam em maior produtividade, aumentando o lucro por planta.

Em tomateiro são conhecidos pelo menos 19 genes que determinam o fenótipo anão. Os tomateiros com fenótipo anão caracterizam-se principalmente pelo encurtamento do entrenó. Entretanto, os genes responsáveis pelo fenótipo anão também podem desencadear alterações na morfologia da planta. As variações morfológicas estão associadas as diferenças no número de ramificações e alterações da coloração, tamanho e rugosidade das folhas (TGRC, 2015). Estes genes podem estar envolvidos em diferentes vias metabólicas como na alteração da atuação do fito hormônio giberelina no metabolismo da planta (Chenget *al.*, 2004; Jasinskiet *al.*, 2008) produção de paredes celulares anormais (Reiter *et al.*, 1993), defeitos na célula de expansão/alongamento (Takahashi *et al.*, 1995) e na biossíntese de brassinosteróides (Bishop *et al.*, 1996), grupo de fito hormônios que regulam a expressão de genes e o crescimento e desenvolvimento das plantas (Fujioka e Yokoda, 2003).

Entretanto, nota-se que grande parte dos genes que conferem fenótipo anão em tomateiro, reduz todas as partes da planta alterando a morfologia das folhas e reduzindo inclusive os frutos, o que não é desejável quando o objetivo é o desenvolvimento de variedades comerciais de tomateiro (Emmanuel e Levy, 2002; Mamidala e Nanna, 2009; Matsukura *et al.*, 2008; Sun *et al.*, 2006).

3.3 DISSIMILARIDADE GENÉTICA E ANÁLISES MULTIVARIADAS

A base para o melhoramento genético de plantas é a variabilidade. Pois, é a partir da exploração da variabilidade genética de forma correta que obtemos ganhos genéticos satisfatórios, podendo reduzir a vulnerabilidade da cultura a fatores bióticos e abióticos. O estudo da dissimilaridade genética permite identificar combinações híbridas de maior efeito heterótico, possibilitando desta maneira a recuperação de genótipos superiores nas gerações segregantes (Cruz *et al.*, 2014).

A dissimilaridade genética pode ser estimada a partir de dois métodos principais: métodos quantitativos e métodos preditivos. Dentre os métodos quantitativos podemos citar as análises dialélicas, que avaliam tanto a capacidade específica quanto a heterose manifestada nos híbridos. Entretanto, este método, por vezes demanda altos custos para sua utilização. Os métodos preditivos tomam por base as diferenças morfo-agrômicas e moleculares, quantificando-as através de medidas de dissimilaridade (Cruz *et al.*, 2014).

A utilização da estatística multivariada na determinação da dissimilaridade genética permite que diversos caracteres avaliados possam ser utilizados simultaneamente, unificando desta forma a informação. Desta maneira, cada genótipo será representado por um único valor referente às características analisadas, tornando-se bastante vantajosa (Moura *et al.*, 1999; Missio *et al.*, 2007). Neste sentido, os métodos de análise de dados multivariados permitem um estudo global das características avaliadas, evidenciando as ligações, semelhanças ou diferenças entre elas, com menor perda possível de informação (Hair *et al.*, 2009).

Os métodos de análise multivariada podem ser divididos em dois grupos principais. O primeiro grupo, consiste na utilização de técnicas exploratórias de sintetização da estrutura de variabilidade dos dados. Neste primeiro grupo podemos destacar as análises de componentes principais, análise fatorial, correlações canônicas, análises de agrupamentos, análise discriminante e análise de correspondência. Por sua vez, o segundo grupo consiste na utilização de técnicas de inferência estatística, neste caso, podemos destacar os métodos de estimação de parâmetros, testes de hipóteses, análises de variância, covariância e regressão multivariada (Mingoti, 2007).

Neste contexto, as análises multivariadas podem ser de grande importância no estudo da dissimilaridade genética e na seleção de genótipos superiores nas gerações segregantes, devido a sua capacidade de unificar informações de um conjunto de caracteres de interesse (Cruz *et al.*, 2014). A utilização desta metodologia para estimar a

divergência genética tem sido empregada em diversos trabalhos e em diversas culturas, tais como: arroz (Benitez *et al.*, 2011); eucalipto (Castro *et al.*, 2013), soja (Santos *et al.*, 2013), tomate (Finzi *et al.*, 2020).

4. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado no período de março a setembro de 2019, na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Campus Monte Carmelo, MG (18°42'43,19" S, 47°29'55,8" W e altitude de 873 m). As plantas foram cultivadas em casa de vegetação do tipo arco (7 x 21 m), com pé direito de 4 metros, coberta com filme de polietileno transparente de 150 micra aditivado contra raios ultravioleta e cortinas laterais de tela branca anti-afideio.

Os genótipos avaliados consistiram em onze populações de tomateiro anão obtidas de um primeiro retrocruzamento e posterior autofecundação (F_2RC_1) após hibridação de uma linhagem pré-comercial homozigota com padrões de fruto do tipo Santa Cruz (genitor recorrente) *versus* linhagem anã UFU MC TOM1 (genitor doador) (Maciel *et al.*, 2015) e o genitor doador, totalizando doze tratamentos. As populações F_2RC_1 e a linhagem UFU MC TOM1 pertencem ao banco de germoplasma de tomateiro da UFU. UFU MC TOM1 é uma linhagem homozigota para porte anão com hábito de crescimento indeterminado e frutos oblongos do tipo minitomate (Finzi *et al.*, 2017b; Maciel *et al.*, 2015), utilizada como genitor doador. Pela expressão do fenótipo anão ser de origem recessiva e monogênica (Maciel *et al.*, 2015), os retrocruzamentos e autofecundações foram realizados para transferência de alelo recessivo.

A semeadura foi realizada em bandejas de poliestireno (200 células) em 02 de março de 2019. O transplântio ocorreu 31 dias após a semeadura para vasos plásticos com capacidade para cinco litros. Anteriormente foram selecionadas dentre as populações F_2RC_1 mudas das respectivas populações de tomateiro com fenótipo anão, que podem ser precocemente identificadas devido a sua estrutura reduzida, folhas menores e mais espedas com coloração verde escuro. Tanto nas bandejas quanto nos vasos foi utilizado substrato comercial a base de fibra de coco. Durante toda a condução do experimento os tratamentos culturais foram realizados conforme preconizado para a cultura do tomateiro cultivado em ambiente protegido (Alvarenga, 2013).

Na sequência do experimento utilizou-se o delineamento de blocos casualizados com doze tratamentos e quatro repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por seis plantas, distribuídas em fileiras duplas no espaçamento de 0,3 x 0,3 m. Entre as linhas duplas (carreadores) foi utilizado espaçamento de 0,8 m, totalizando 360 plantas.

As colheitas foram realizadas semanalmente, no período de 05 de junho a 02 de agosto de 2019, totalizando nove colheitas. Os frutos de cada parcela experimental foram colhidos em estágio de maturação completa, sendo avaliados os seguintes caracteres agronômicos:

Peso médio do fruto (g) (PMF): razão entre a massa e o número de frutos colhidos da parcela.

Teor de sólidos solúveis totais (°Brix) (TSS): obtido pela média de todos os frutos colhidos na parcela. Após a colheita, estes foram analisados quanto ao teor de sólidos solúveis totais utilizando Refratômetro Digital Portátil (Atago PAL-1 3810).

Diâmetro transversal do fruto (cm) (DT): obtido com auxílio de régua após cortar o fruto verticalmente ao meio, mensurando o comprimento horizontal do fruto. Em seguida, realizou-se a média de diâmetro com todos os frutos colhidos na parcela.

Diâmetro longitudinal do fruto (cm) (DL): obtido com auxílio de régua após cortar o fruto verticalmente ao meio, mensurando o comprimento vertical do fruto. Em seguida, realizou-se a média de diâmetro com todos os frutos colhidos na parcela.

Formato do fruto (FF): obtido pela relação entre o diâmetro transversal e longitudinal (DT/DL). O genitor recorrente, híbrido comercial e a cultivar Santa Clara foram utilizados como referências do segmento Santa Cruz para permitir a classificação dos frutos.

Espessura da polpa (cm) (EP): obtido com auxílio de régua após cortar o fruto verticalmente ao meio, mensurando o comprimento entre a casca do fruto e o início do lóculo. Em seguida, realizou-se a média com todos os frutos colhidos na parcela.

Número de lóculos (lóculos frutos⁻¹) (NL): obtido após o corte do fruto horizontalmente ao meio, contabilizando o número de lóculos. Em seguida, realizou-se a média com todos os frutos colhidos na parcela.

Comprimento entre internódios (cm) (CI): obtido pela equação: [(altura da planta/número de nós)], em duas plantas centrais da parcela. Em seguida, calculou-se a média das medidas obtidas.

Altura (cm) (ALTP): obtido pelo comprimento vertical da planta, com auxílio de régua (cm), aferido em duas plantas centrais da parcela. Em seguida, calculou-se a média das medidas obtidas.

As análises multivariadas foram realizadas com o objetivo de determinar a dissimilaridade genética entre as populações F₂RC₁ anãs e genitor doador, obtendo-se a matriz de dissimilaridade pela distância generalizada de Mahalanobis. A dissimilaridade genética, foi representada por dendrograma obtido pelos métodos hierárquicos *Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA), *Weighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (WPGMA), Ligação Simples e otimização de Tocher. A validação dos agrupamentos pelos métodos hierárquicos foi determinada pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC), calculado pelo teste de Mantel (1967). A contribuição relativa dos caracteres quantitativos foi calculada segundo critério de Singh (1981). Todas as análises foram realizadas por meio do software Genes (CRUZ, 2016). Sendo que para todos esses métodos, o corte no dendrograma foi realizado de acordo com a metodologia indicada por (CRUZ, 2016), que é Ponto de Corte = Média + KDP, onde K é constante a 1,25 e o DP é o desvio padrão.

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

A partir das variáveis respostas analisadas pode-se evidenciar a dissimilaridade genética entre genitor doador (UFU MC TOM1) e todas as populações F₂RC₁ anãs após o primeiro ciclo de retrocruzamento. Os dendrogramas obtidos pelos métodos *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* (UPGMA),

Weighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (WPGMA) e Ligação Simples foram eficientes na determinação da dissimilaridade genética entre as populações em estudo (Figura 1).

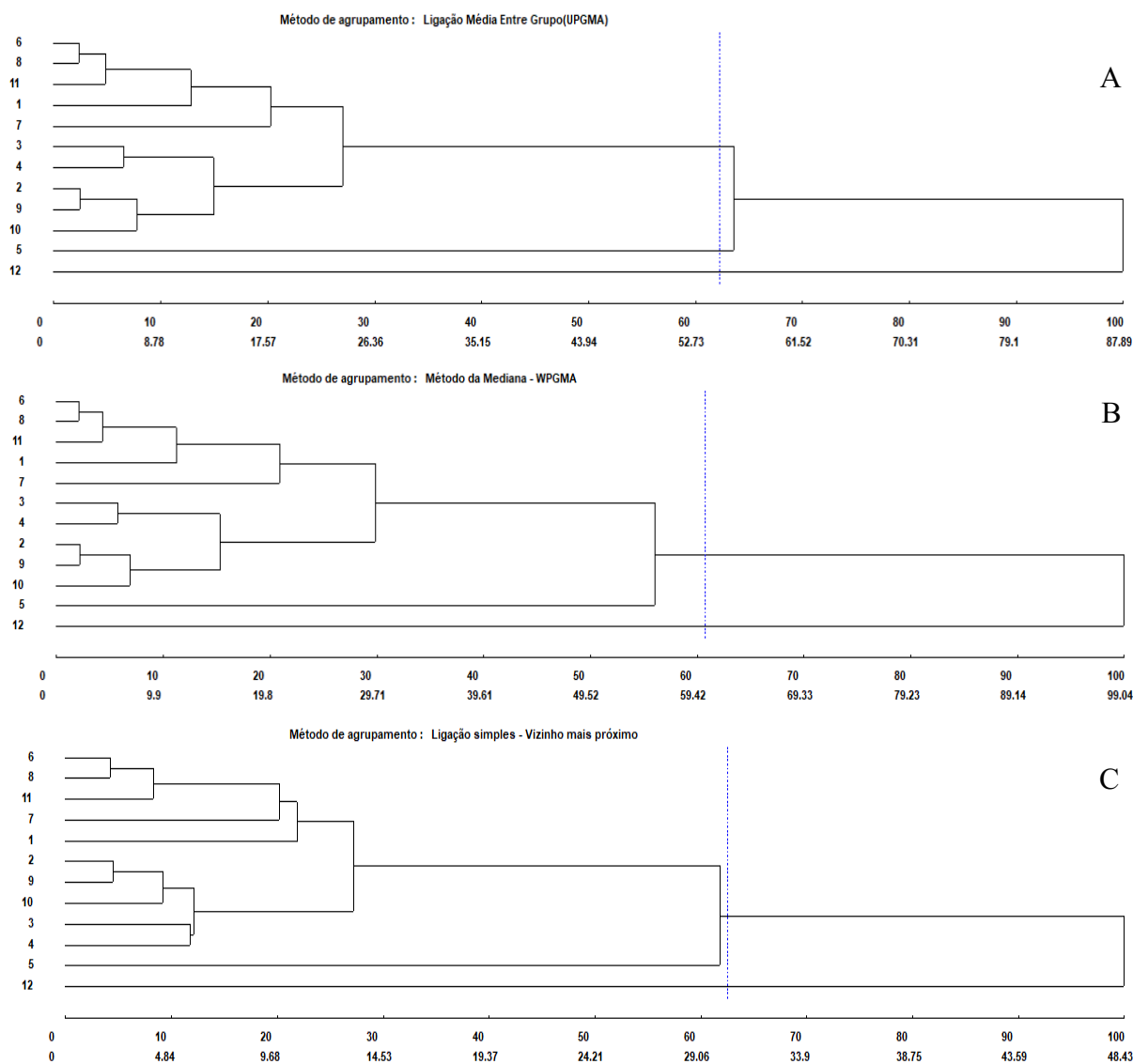


Figura 1. Dendrograma para dissimilaridade genética entre onze populações F_2RC_1 de tomateiro anão tipo Santa Cruz (1: UFU-Sci#2; 2:UFU-Sci#3; 3: UFU-Sci#5; 4: UFU-Sci#6; 5: UFU-Sci#8; 6: UFU-Sci#11; 7: UFU-Sci#12; 8: UFU-Sci#16; 9: UFU-Sci#18; 10: UFU-Sci#20; 11: UFU-Sci#25) e genitor doador (12: UFU MC TOM1), obtida pelo método hierárquico UPGMA, (A); método hierárquico da mediana WPGMA (B) e pelo método hierárquico de ligação simples (C).

Para todos os métodos de agrupamento hierárquicos utilizados, o corte no dendrograma foi realizado de acordo com metodologia indicada por Cruz, 2016. Assim, para os métodos UPGMA, WPGMA e Ligação Simples o corte foi realizado a 54,75%; 60,16% e 30,28% respectivamente. Ademais, os dendrogramas obtidos pelas três metodologias apresentaram coeficientes de correlação cofenético superiores a 0.90 (Tabela 1) e significância ao teste t ($p < 0,01$), tornando os dendrogramas satisfatórios para representar a informação contida na matriz e posteriormente na formação dos grupos.

Tabela 1. Coeficiente de Correlação Cofenético (CCC) dos métodos hierárquicos utilizados para avaliar a dissimilaridade genética entre populações F₂RC₁ anãs e o genitor doador (UFU MC TOM1).

Método Hierárquico	Coeficiente de Correlação Cofenético
UPGMA	0.9135**
WPGMA	0.9085**
Ligação Simples	0.9111**

** Significativo pelo teste de t de *Student* a nível de 1% de probabilidade.

Pelo método hierárquico UPGMA (A) obteve-se três grupos distintos. O grupo I reuniu todas as populações F₂RC₁ anãs, exceto UFU-Sci#8 que foi alocada no grupo II e o grupo III foi composto apenas pelo genitor doador. A separação do genitor doador e populações F₂RC₁ anãs indica o sucesso da primeira geração de retrocruzamentos com o intuito de obter genótipos anões com frutos característicos do segmento Santa Cruz. Finzi et al. 2020, avaliando a dissimilaridade genética entre populações F₂RC₁ anãs com frutos tipo salada obtiveram resultados semelhantes ao observado no presente estudo. Ademais, Maciel et al. (2018), comparando diferentes metodologias de análise multivariada para avaliação da dissimilaridade genética em tomateiro constataram a eficiência desta metodologia na separação de grupos.

Pelos métodos WPGMA (B) e Ligação Simples (C) os genótipos foram divididos em dois grupos distintos. O grupo I formado por todas as populações anãs e o grupo II pela linhagem UFU MC TOM1 (GD). Assim como observado pelo método UPGMA, todas as populações F₂RC₁ anãs diferiram do genitor doador, sendo alocadas em um agrupamento distinto. O que reafirma o fato de que a primeira geração de retrocruzamento promoveu incrementos significativos nas populações F₂RC₁ anãs. Pelo método de Tocher, assim como observado para UPGMA, foram formados três grupos. No grupo I, foram

alocadas todas as populações F₂RC₁, com exceção da população UFU-Sci#8 que foi alocada grupo II e o grupo III foi composto pelo GD (Tabela 2). Confirmando a dissimilaridade genética das populações F₂RC₁anãs em relação ao genitor doador.

Tabela 1. Agrupamento pelo método de otimização de Tocher, de 12 populações de tomateiro anão.

Grupos	Genótipos
I	UFU-Sci#2, UFU-Sci#3, UFU-Sci#5, UFU-Sci#6, UFU-Sci#11, UFU-Sci#12, UFU-Sci#16, UFU-Sci#18, UFU-Sci#20, UFU-Sci#25
II	UFU-Sci#8
III	UFU MC TOM1

Dentre as metodologias de agrupamento em estudo, os métodos UPGMA e Tocher apresentaram maior poder discriminante entre os genótipos em estudo, alocando a população UFU-Sci#8 em um grupo distinto das demais populações F₂RC₁. A separação da população UFU-Sci#8 das demais é justificada pelo melhor desempenho desta população para PMF e DL (dados não apresentados). Ademais, segundo o método de Singh (1981), as características com maior contribuição relativa para a avaliação da dissimilaridade entre os genótipos no presente estudo foram: FF (35,96%), DL (21,69%) e PMF (16,38%) (Tabela 2).

Tabela 2. Contribuição relativa de 9 características, avaliadas em 12 genótipos de tomateiro anão, avaliadas em 12 genótipos de tomateiro anão com base no método de Singh (1981).

Característica	Sj	Sj(%)
FF	1012,57	35,96
DL	610,72	21,69
PMF	461,40	16,38
TSS	199,89	7,10
EP	188,25	6,68
CI	166,66	5,91
NL	94,39	3,35
ALTP	81,67	2,90
DT	0,00	0,03

FF: Formato de fruto; DL: diâmetro longitudinal; PMF: peso médio de fruto; TSS: teor de sólidos solúveis; EP: espessura de polpa; CI: comprimento de internódio; NL: número de lóculos; ALTP: altura de plantas; DT: diâmetro transversal.

A análise de contribuição relativa de caracteres, considera que os caracteres de maior variabilidade são fundamentais, possibilitando a eliminação de análises que pouco contribuem para a dissimilaridade, reduzindo trabalho, tempo e custos adicionais durante as avaliações (Valadares *et al.*, 2018; Gomes *et al.*, 2021). Neste sentido, DT foi a característica que menos contribuiu para determinar a dissimilaridade genética entre os genótipos. Porém, essa característica é considerada um atributo relevante para avaliação de frutos de tomateiro, principalmente na determinação do formato de fruto, não podendo assim ser eliminada.

De maneira geral, observa-se que a primeira geração de retrocruzamentos foi eficiente (Figura 2). Resultando em incrementos expressivos nas populações F₂RC₁ para os principais caracteres relacionados aos frutos estudados no presente trabalho. Para o PMF, EP, DT e DL a primeira geração de retrocruzamentos resultou em uma superioridade relativa de 312,57%, 60%, 54,05% e 10,66% respectivamente (Figura 3).

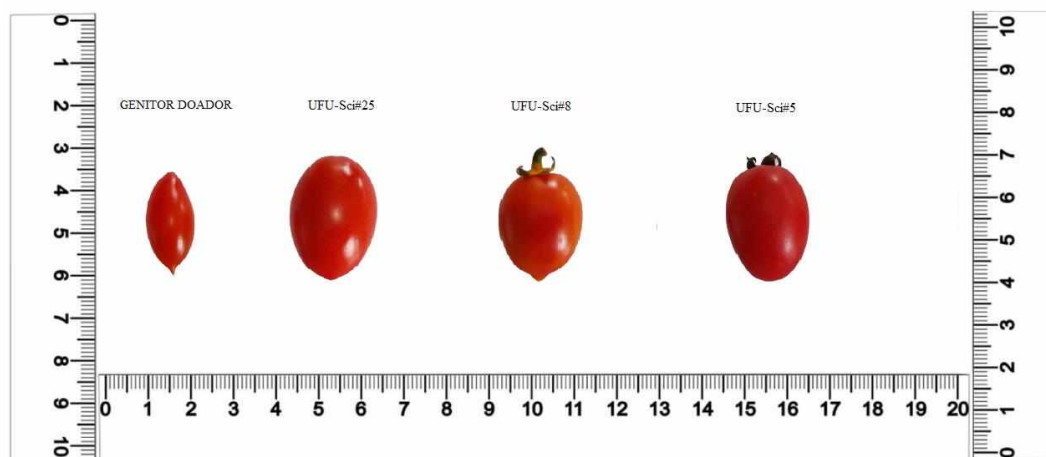


Figura 2. Comparação entre frutos do genitor doador, UFU-Sci#25, UFU-Sci#8 e UFU-Sci#5 após um retrocruzamento.

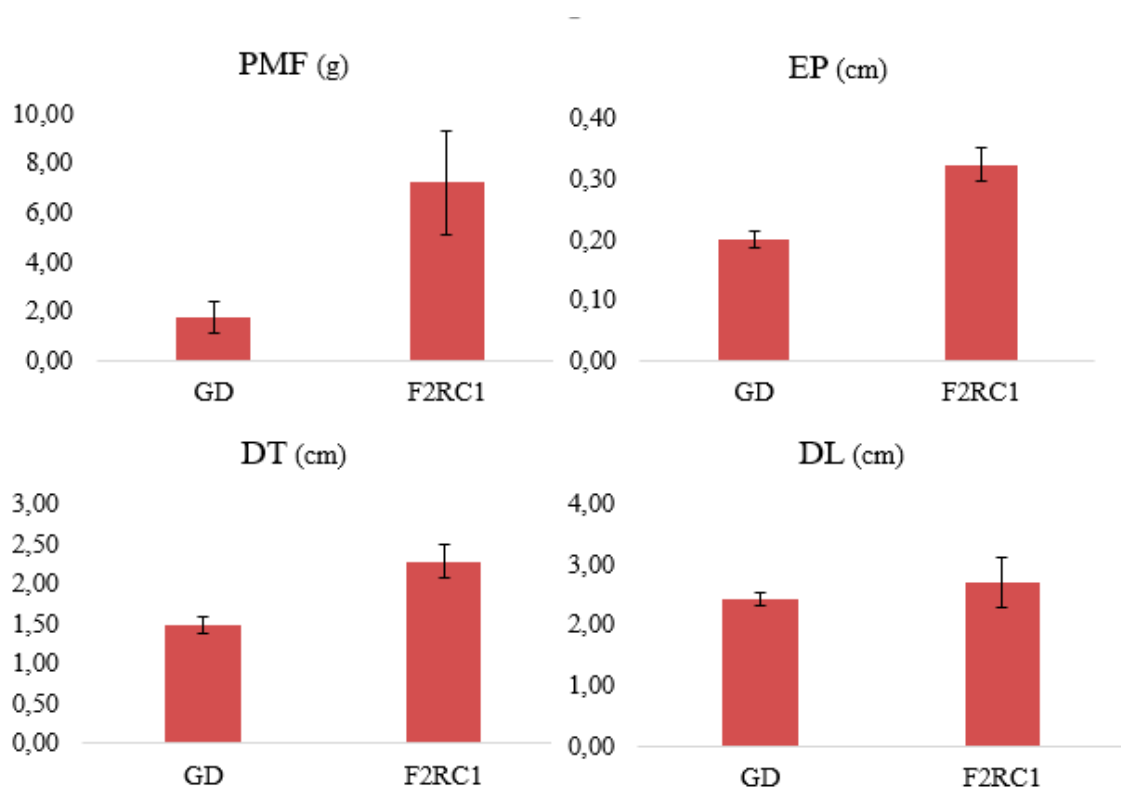


Figura 3. Superioridade relativa do peso médio de fruto (PMF), espessura de polpa (EP), diâmetro transversal (DT) e diâmetro longitudinal (DL) de populações de tomateiro anão (F₂RC₁) em relação ao genitor doador (GD).

Finzi et al (2020), relataram elevada superioridade relativa de populações F₂RC₁ de tomateiro anão tipo salada em relação ao genitor doador para o peso médio de frutos, corroborando com o presente trabalho. Esses resultados, evidenciam, assim como as análises de agrupamento, o sucesso da primeira geração de retrocruzamento no incremento do PMF, EP, DT e DL, em que parte da constituição genética do genitor recorrente foi transferida às populações anãs.

6. CONCLUSÃO

Dentre as técnicas de análises multivariadas em estudo, UPGMA e Tocher foram os mais eficientes na confirmação da dissimilaridade genética entre as populações F₂RC₁ anãs e o genitor doador.

As populações F₂RC₁ anãs apresentaram elevada superioridade relativa para peso médio de fruto, espessura de polpa, diâmetro e comprimento de fruto em relação ao genitor doador.

7. REFERÊNCIAS

AGUILERA, J. G., Marim, B. G., Setotaw, T. A., Zuffo, A. M., Nick, C., & Da Silva, D. J. (2019). The combination of data as a strategy to determine the diversity of tomato subsamples. *Amazonian Journal of Plant Research*, 3(1), 276-289.

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

BENITEZ, L.C.; RODRIGUES, I.C.S.; ARGE, W.P.; RIBEIRO, M.V.; BRAGA, E.J.B. Análise multivariada da divergência genética de genótipos de arroz sob estresse salino durante a fase vegetativa. **Revista Ciência Agronômica**. v.42, n.02, p.409-416, 2011.

BISHOP, G. J.; HARRISON, K. JONES, J. D. G. The tomato Dwarf gene isolated by hetero logous trans posontaggingen codes the first member of a new cytochrome P450 family. **The Plant Cell**, v. 8, n. 6, p. 959-969, 1996. Disponível em: <http://www.plantcell.org/content/8/6/959.short>. Acesso em 08 jan. 2021.

CASTRO, A.F.N. M.; CASTRO, R.V.O.; CARNEIRO, A.C.O.; LIMA, J.E.; SANTOS, R.C.; ALVES, I.C.N. Análise multivariada para seleção de clones de eucalipto destinados à produção de carvão vegetal. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.6, p.627-635, 2013.

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

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

CORRADO, G. *et al.* Genetic diversity in Italian tomato landraces: Implications for the development of a core collection. **Scientia Horticulturae**, v. 168, p. 138-144, 2014.

CRUZ, D. C. REGAZZI, A. J e CARNEIRO, P. C. S. (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 4th edn, UFV, Viçosa, 514p.

CRUZ, D. C. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum Agronomy**, Maringá, v.38, n.4, p. 547-552, out./dez. 2016. DOI: <https://doi.org/10.4025/actasciagron.v38i3.32629>. Disponível em: <http://periodicos.uem.br/ojs/index.php/ActaSciAgron/article/view/32629/pdf>. Acesso em: 08 out. 2020.

DARIVA, Françoise Dalprá et al. Evaluation of anatomical and physiological traits of *Solanum pennellii* Cor. associated with plant yield in tomato plants under water-limited conditions. **Scientificreports**, v. 10, n. 1, p. 1-13, 2020.

EMMANUEL, E.; LEVY, A. A. Tomato mutants as tools for functional genomics. **Current opinion in plantbiology**, v. 5, n. 2, p. 112-117, 2002. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1369526602002376?casa_token=0yCE8f0agAAAAA:y3_47Qe7UiPUwxgQGJfQZh5e93ce1Lo8G34fO3QHS49Xwey7KbsforNayxbAPavZmQO4vOI_eGY. Acesso em 08 jan. 2021.

FILGUEIRA, F. A. R. Novo manual de olericultura: Agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. 3.ed. Viçosa: UFV, 2008. 421p.

FINZI, R. R. *et al.* Agronomic performance of mini-tomato hybrids from dwarf lines. **Ciência e Agrotecnologia**, 41(1): 15-21, 2017a. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1413-70542017000100015&script=sci_arttext. Acesso em: 15 fev. 2020.

FINZI, R. R. *et al.* Agronomic potential of BC1F2 dwarf round tomato populations. **Ciência e Agrotecnologia**, 44(2): e028819, 2020. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1413-70542020000100205&script=sci_arttext. Acesso em: 15 fev. 2020.

FINZI, R. R. *et al.* Growth habit in mini tomato hybrids from a dwarf line. **Bioscience Journal**, 33(1):52-56, 2017b. Disponível em: <http://www.seer.ufu.br/index.php/biosciencejournal/article/view/35763>. Acesso em: 15 fev. 2020.

Food and Agriculture Organization (FAO) of the United Nations **Statistical Yearbook**. Rome, Italy, 2018. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en/#home>. Acesso em 15 set. 2020.

Food and agriculture organization (FAO). **Statistical Yearbook**. New York, 2020. Disponível em: www.fao.com. Acesso em: 15 jan. 2021.

FUJIOKA, S.; YOKOTA, T. Biosynthesis and metabolism of brassinosteroids. **Annual review of plant biology**, v. 54, n. 1, p. 137-164, 2003. Disponível em: https://www.annualreviews.org/doi/abs/10.1146/annurev.arplant.54.031902.134921?casa_token=VT4ganBArq0AAAAA:TnZmnLDdFdjF15wW1eD75ifnJtAexDgmJHVKki5wDKcgRDUG_d7RIVrUF0qfXOX0wIM7Ya-lmNz_xohe. Acesso em: 08 jan. 2021.

GOMES, Danilo A. *et al.* Genetic dissimilarity, selection index and correlation estimation in a melon germplasm. **Horticultura Brasileira**, v. 39, n. 1, p. 46-51, 2021.

GONÇALVES NETO, A. C. *et al.* Resistência à traça-do-tomateiro em plantas com altos teores de acilalúcares nas folhas. **Horticultura Brasileira** 28(2):203-208, 2010.

Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S010205362010000200011&script=sci_arttext. Acesso em: 15 fev. 2020.

GRUBER, K. The living library: Wild and heirloom plants are giving major crop varieties, and the global food system, a genetic makeover. **Nature**, [S. l.], v.544, p.8-10, abr. 2017. DOI: <https://doi.org/10.1038/544S8a>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/544S8a>. Acesso em: 08 out. 2020.

HAIR, J. F.; BLACK, W.; BABIN, B.; ANDERSON, R. E.; TATHAM, R. L. Análise Multivariada de dados. Editora Bookman, Porto Alegre, 6ª ed., 2009. 688 p.

IBGE -INSTITUTO BRASILEIRO DE GEOGRAFIA E ESTATÍSTICA. SIDRA. **Produção Agrícola Municipal**. Tabela 6588. 2020. Disponível em: <https://sidra.ibge.gov.br/tabela/5457#resultado>>. Acessado em: 08 jan. 2021.

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

LIU, J. *et al.* A new class of regulatory genes underlying the cause of pear-shaped tomato fruit. **Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America**, [S. l.], v. 99, n. 1, p. 13302-13306, out. 2002. DOI: <https://doi.org/10.1073/pnas.162485999>. Disponível em: <https://www.pnas.org/content/pnas/99/20/13302.full.pdf>. Acesso em: 08 out. 2020.

LUCINI, T. *et al.* Acylsugar and the role of trichomes in tomato genotypes resistance. **Arthropod-Plant Interactions**, [S. l.], v.9, p.45-53, jan. 2015. DOI: <https://doi.org/10.1007/s11829-014-9347-7>. Disponível em: <https://link.springer.com/article/10.1007%2Fs11829-014-9347-7>. Acesso em: 08 out. 2020.

MACHADO NETO, Andrezza da Silva et al. Costs, viability and risks of organic tomato production in a protected environment. **Revista Ciência Agronômica**, v. 49, n. 4, p. 584-591, 2018.

MACIEL, G. M.; SILVA, E. C.; FERNANDES, M. A. R. Ocorrência de nanismo em planta de tomateiro do tipo grape. **Revista Caatinga**, 28(4):259-264,2015. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S1983-21252015000400259&script=sci_arttext. Acesso em: 15 fev 2020.

MACIEL, GM; FINZI, RR; CARVALHO, FJ; MARQUEZ, GR; CLEMENTE, AA. 2018. Agronomic performance and genetic dissimilarity among cherry tomato genotypes. **Horticultura Brasileira**, 36: 167-172.

MAMIDALA, P.; NANNA, R. S. Efficient in vitro plant regeneration, flowering and fruiting of dwarf Tomato cv. Micro-Msk. 2009. **Plant Omics**, v. 2, p. 98-102, 2009. Disponível em: <https://www.cabdirect.org/cabdirect/abstract/20093203213>. Acesso em: 08 jan. 2021.

MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, Philadelphia, v. 27, n. 2, p. 209-220, fev. 1967. Disponível em: https://cancerres.aacrjournals.org/content/27/2_Part_1/209.full-text.pdf. Acesso em: 08 out. 2020.

MAO, L. *et al.* JOINTLESS is a MADS-box gene controlling tomato flower abscission zone development. **Nature**, [S. l.], v. 406, n. 6798, p.910-913, ago. 2000. DOI: <https://doi.org/10.1038/35022611>. Disponível em: <https://www.nature.com/articles/35022611>. Acesso em: 08 out. 2020.

MATOS, E. S.; SHIRAHIGE, F. H.; DE MELO, P. C. T. Desempenho de híbridos de tomate de crescimento indeterminado em função de sistemas de condução de plantas. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 2, p. 240-245, 2012. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362012000200010&script=sci_arttext. Acesso em: 08 jan. 2021.

MATSUKURA, C. *et al.* Comprehensive resources for tomato functional genomics based on the miniature model tomato Micro-Tom. **CurrentGenomics**, v. 9, n. 7, p. 436-443, 2008. Disponível em: <https://www.ingentaconnect.com/content/ben/cg/2008/00000009/00000007/art00001>. Acesso em: 08 jan. 2021.

MINGOTI, A.S. (2007). Análise de dados através de métodos de estatística multivariada. Belo Horizonte, Editora UFMG, 295p.

MISSIO, R. F.; MORAES, M. L. T.; DIAS, L. A. S. Efeito do desbaste seletivo sobre a divergência genética em progênies de *Pinus caribaea* Morelet var. *bahamensis*. **ScientiaForestalis**, v. 73, p. 27-36, 2007.

MOURA, W.M.; CASALI, V.W.D.; CRUZ, C.D.; Lima, P.C. Divergência genética em linhagens de pimentão em relação à eficiência nutricional de fósforo, v.34, n.2, p.217-224. 1999.

MUELLER, S. *et al.* Produtividade de tomate sob adubação orgânica e complementação com adubos minerais. **Horticultura Brasileira**, v. 31, n. 1, p. 86-92, 2013. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362013000100014&script=sci_arttext&tlng=pt. Acesso em: 08 jan. 2021.

PANTHEE, D. R.; GARDNER, R. G. 'Mountain Honey' hybrid grape tomato and its parent NC 6 grape breeding line. **HortScience**, v. 48, n. 9, p. 1192-1194, 2013a. Disponível em: <https://journals.ashs.org/hortsci/view/journals/hortsci/48/9/article-p1192.xml>. Acesso em: 15 set. 2020.

PANTHEE, D. R.; GARDNER, R. G. 'Mountain Vineyard' hybrid grape tomato and its parents: NC 4 Grape and NC 5 Grape tomato breeding lines. **HortScience**, v. 48, n. 9, p. 1189-1191, 2013b. Disponível em: <https://journals.ashs.org/hortsci/view/journals/hortsci/48/9/article-p1189.xml>. Acesso em: 15 set. 2020.

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. DOI: <https://doi.org/10.1590/S0103-84782012001100006>. Disponível em: <https://www.scielo.br/pdf/cr/v42n11/a31612cr6033.pdf>. Acesso em: 08 out. 2020.

REITER, W. D.; CHAPPLE, C. C. S.; SOMER-VILLE, C. R. Altered growth and cell walls in a fucose-deficient mutant of *Arabidopsis*. **Science**, v. 261, n. 5124, p. 1032-1035, 1993. Disponível em: <https://science.sciencemag.org/content/261/5124/1032.abstract>. Acesso em 08 jan. 2021.

RICK, C.M. The tomato. **Scientific American**, [S. l.], v. 239, n. 2, p. 76-89, ago. 1978. DOI: <https://doi.org/10.1038/scientificamerican0878-76>. Disponível em: <https://www.scientificamerican.com/article/the-tomato-1978-08/>. Acesso em: 08 out. 2020.

RODRÍGUEZ-LÓPEZ, M. J. *et al.* Acylsucrose-producing tomato plants forces *Bemisia tabaci* to shift its preferred settling and feeding site. **PLoS One**, v. 7, n. 3, p. e33064, 2012. Disponível em: <https://journals.plos.org/plosone/article?id=10.1371/journal.pone.0033064> Acesso em 08 jan. 2021.

SALIM, M. M. R. *et al.* Morphological characterization of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) genotypes. **Journal of the Saudi Society of Agricultural Sciences**, v. 19, n. 3, p. 233-240, 2020. Disponível em: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1658077X18302728>. Acesso em 08 jan. 2021.

SANTOS, E. R.; SANTOS, A. F.; CAPONE, A.; SANTOS, W. R.; MOURA, S. G.; BARROS, H. B. Genetic dissimilarity between soybean genotypes cultivated in lowland irrigated inter-cropping. **Journal of Biotechnology and Biodiversity**, v.4, n.3: p.222-231, 2013.

SHIRAHIGE, F. H. *et al.* Produtividade e qualidade de tomates Santa Cruz e Italiano em função do raleio de frutos. **Horticultura Brasileira**, 28(3): 292-298, 2010. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362010000300009&script=sci_arttext. Acesso em: 15 set. 2020.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding** 41: 237-245, 1981.

SUN, H. J. *et al.* A highly efficient transformation protocol for Micro-Tom, a model cultivar for tomato functional genomics. **Plant and Cell Physiology**, v. 47, n. 3, p. 426-431, 2006. Disponível em: <https://academic.oup.com/pcp/article/47/3/426/1922987?login=true>. Acesso em 08 jan. 2021.

SUN, Xiao-Rong *et al.* Genetic analysis of tomato internode length via mixed major gene plus polygene inheritance model. **Scientia Horticulturae**, v. 246, p. 759-764, 2019. Disponível em: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0304423818308252?casa_token=TDt3lBdVeBQAAAAA:c-svy-dBOnfmCm9ow9ctFVvHXSYc9Ne9Z5iO8E2_Nr7hJ6waSf004idJ2rYWbF9ub2c31BYe-j4. Acesso em: 15 set. 2020.

TAKAHASHI, T. *et al.* The DIMINUTO gene of Arabidopsis is involved in regulating cell elongation. **Genes & Development**, v. 9, n. 1, p. 97-107, 1995. Disponível em: <http://genesdev.cshlp.org/content/9/1/97.short>. Acesso em: 08 jan. 2021.

TANKSLEY, S. D. The Genetic, Developmental, and Molecular Bases of Fruit Size and Shape Variation in Tomato. **The Plant Cell**, Waterbury, v. 16, suplementos, p. S181-S189, jun. 2004. DOI: <https://doi.org/10.1105/tpc.018119>. Disponível em: http://www.plantcell.org/content/plantcell/16/suppl_1/S181.full.pdf. Acesso em: 08 jan. 2021.

TGRC, 2015. Tomato Genetics Resource Center. Disponível em: . Acesso em: 01 mai. 2015.

VALADARES, RN; MELO, RA; SARINHO, IV; OLIVEIRA, NS; ROCHA, FA; SILVA, JW; MENEZES D. 2018. Genetic diversity in accessions of melon belonging to momordica group. **Horticultura Brasileira**, 36: 253-258.

WAMSER, Anderson Fernando et al. Produtividade de híbridos de tomate submetidos ao cultivo superadensado. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 1, p. 168-174, 2012. Disponível em: https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0102-05362012000100028&script=sci_arttext&tlng=pt. Acesso em 15 set. 2020.