

MAURÍCIO PIVETTA MOMESSO

GANHO GENÉTICO ESTIMADO POR ÍNDICES DE SELEÇÃO EM TOMATEIRO

Monte Carmelo
2021

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA
MAURÍCIO PIVETTA MOMESSO

GANHO GENÉTICO ESTIMADO POR ÍNDICES DE SELEÇÃO EM TOMATEIRO

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

Coorientador: Dr. Rafael Resende Finzi

Monte Carmelo
2021

MAURÍCIO PIVETTA MOMESSO

GANHO GENÉTICO ESTIMADO POR ÍNDICES DE SELEÇÃO EM TOMATEIRO

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, 22 de dezembro de 2021

Banca Examinadora

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel
Orientador

Dr. Rafael Resende Finzi
Coorientador

Dra. Joicy Vitória Miranda Peixoto
Membro da Banca

Dra. Camila Soares de Oliveira
Membro da Banca

Monte Carmelo
2021

Dedico este trabalho à Deus, que me direcionou e me guiou nos momentos em que precisei e aos meus pais, que sempre trabalharam para proporcionar um estudo de excelência.

“É bom celebrar o sucesso, mas é mais importante escutar as lições do fracasso.” Bill Gates.

AGRADECIMENTOS

À Deus por atender minhas preces me proporcionando força e sabedoria para lidar com os desafios e dificuldades durante toda minha vida.

À minha mãe Solange Aparecida Pivetta Momesso e ao meu pai José Marcelo Momesso que sempre me orientaram, deram auxílio financeiro e incentivaram. Além disso, sempre foram os dois principais alicerces da minha vida.

Ao meu orientador Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel, por todo amparo acadêmico e por reconhecer minhas virtudes, dando a oportunidade de me afastar da zona de conforto através do GENHORT.

A todos os membros do Grupo de Estudos em Melhoramento Genético de Hortaliças (GENHORT), que foram fundamentais na realização deste trabalho. Em especial, posso citar meu coorientador Rafael Resende Finzi, Hugo Gabriel Peres e Igor Forigo Beloti.

Ao José Marques Vilela, pela sua dedicação com o grupo de pesquisa, sendo prestativo, profissional e honesto.

À Universidade Federal de Uberlândia pelo fomento a pesquisa e por fornecer educação de excelência.

SUMÁRIO

RESUMO	1
1. INTRODUÇÃO	2
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	3
2.1. CULTURA DO TOMATEIRO	3
2.2. ÍNDICE DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS	4
3. MATERIAL E MÉTODOS	8
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	10
5. CONCLUSÕES	17
REFERÊNCIAS	17

RESUMO

Em estádios avançados de programas de melhoramento, a capacidade de selecionar ou eliminar linhagens se torna complexa. O objetivo deste trabalho foi avaliar a seleção de linhagens de tomateiro utilizando diferentes índices de seleção. O material genético constou de 115 linhagens avançadas de tomateiro. Avaliou-se: teor de clorofila total, temperatura foliar, número de frutos, produção, distância da primeira penca ao solo, diâmetro transversal e longitudinal do fruto, comprimento de internódios e teor de sólidos solúveis. Os dados foram analisados por meio de teste de médias e estimativas de ganho de seleção: seleção direta e indireta, índice clássico, índice da soma de “ranks” (Mulamba e Mock, 1978), índice base (Willians 1962) e índice da distância genótipo-ideótipo. Não houve coerência entre os diferentes índices de seleção. Com ganhos genéticos distribuídos de forma mais equilibrada entre os caracteres analisados, sugere-se que o índice de Mulamba e Mock seja o mais adequado para a cultura do tomateiro.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum* L., índices de seleção, melhoramento genético.

1. INTRODUÇÃO

Em programas de melhoramento de tomateiro, várias são as estratégias utilizadas por melhoristas na seleção de genótipos superiores (NICK; SILVA, 2016). Devido à existência de correlações genéticas entre caracteres, selecionar torna-se um grande desafio (OLIVEIRA; 2010). Quando a seleção é praticada visando apenas uma característica, existe a possibilidade de ocorrer a inferiorização de outras características de interesse, por outro lado, quando a seleção é simultânea, tais alterações tendem a ser mais ponderadas dentre os caracteres (BIZARI, 2014). A possibilidade de se estimar os ganhos a serem obtidos por determinada estratégia de seleção torna-se essencial para o sucesso de um programa de melhoramento.

De maneira geral, o desempenho *per se* é um dos principais critérios utilizados na seleção de genótipos superiores de tomateiro. Nesse sentido, o teste de médias Scott-Knott (SCOTT AND KNOTT, 1974) tem sido bastante utilizada por diversos autores (BORBA et al., 2017; FINZI et al., 2017; MACIEL et al., 2018; PEIXOTO et al., 2018). Contudo, sabe-se que este tipo de seleção pode ser ineficiente por conduzir um genótipo superior em apenas uma característica. Os índices de seleção são uma excelente alternativa, uma vez que associam informações relativas a vários caracteres de importância agrônômica e possibilitam atribuir pesos de seleção a características mais importantes (BIZARI, 2014).

Dentre os tipos de índice de seleção, têm-se principalmente: índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice base de Williams (1962), índice da distância genótipo-ideótipo (Cruz, 2013) e o índice de soma de “ranks” de Mulamba e Mock (1978). As diferenças entre os índices clássico e base consistem basicamente na forma de combinação e ponderação entre os caracteres. O índice da distância genótipo-ideótipo se diferencia por possibilitar atribuir valores ótimos para cada variável de interesse, enquanto que o índice de soma de “ranks” não necessita de se estabelecerem pesos econômicos e a estimativa de variâncias e covariâncias (REZENDE et al., 2014). Todos estes índices fornecem estimativa do ganho genético em cada característica resultante da seleção.

Os índices de seleção já foram estudados por vários autores em várias culturas como a soja (BÁRBARO et al., 2009; LEITE et al., 2016; BIZARI et al., 2017), milho pipoca (FREITAS et al., 2013), açaí (TEIXEIRA et al., 2012), alfafa (VASCONCELOS et al., 2010), batata (TERRES et al., 2015) e maracujá (ROSADO et al., 2012). No entanto, a literatura carece de publicações utilizando o índice de seleção para a cultura do tomateiro.

Portanto, o objetivo deste trabalho foi avaliar a seleção de genótipos de tomateiro utilizando diferentes índices de seleção.

2.REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1.CULTURA DO TOMATEIRO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) possui diploidia ($2n=2x=24$) sendo originário da América do Sul, mais precisamente entre o oeste do Equador e norte da Bolívia e Chile (PERALTA et al., 2008). A domesticação se deu na região andina e se encerrou na América Central, posteriormente, os colonizadores espanhóis dispersaram a espécie por meio da introdução da cultura na Espanha e logo em seguida para o resto do mundo (NICK; BORÉM, 2016). Tal processo, se baseou em incremento focado em genes responsáveis pelo aumento da massa média do fruto (NICK; BORÉM, 2016).

A cultura do tomateiro, é consumida no mundo todo principalmente na China, Índia e USA que compõem os 3 maiores produtores com 49% de participação do total de 177 milhões de toneladas produzidos em 4,8 milhões de hectares (FAOSTAT., 2018). O Brasil se encontra na nona posição no ranking mundial de produção de tomate devido aos 3.917.967 de toneladas produzidas em 54.916 hectares (CONAB., 2021).

Trata-se de uma herbácea pilosa de caule flexível, podendo ter sua conformação alterada através de podas. Além disso, possui uma raiz axial vigorosa composta por raízes secundárias e adventícias. Seu crescimento é do tipo simpodial em que ocorre a alternância de 3 trifólios a cada duas inflorescências.

A cultura possui três hábitos de crescimento. O hábito indeterminado possui dominância apical intensa promovendo seu crescimento longitudinal. Tal característica, torna o uso de tutoramento indispensável para manutenção das plantas cultivadas (NICK; SILVA; BORÉM., 2018). Por outro lado, o hábito determinado prioriza as gemas laterais possuindo uma inflorescência terminal que impede seu prolongamento no sentido vertical. Este hábito, exclui a necessidade de tutoramento reduzindo os custos de produção (NICK; SILVA; BORÉM., 2018). Existe um terceiro hábito chamado semideterminado que se diferencia dos demais por ter duas folhas entre inflorescências e se determinar a partir da oitava inflorescência. Uma vantagem na utilização de cultivares com esse hábito com foco em consumo *in natura* é a exclusão da prática da capação (NICK; SILVA; BORÉM., 2018).

O tomateiro apresenta suas flores hermafroditas e autógamas com estames e corola de tamanho reduzido e coloração amarelo. Geralmente, uma planta pode produzir 20 inflorescências contendo 8 flores por inflorescência (NICK; SILVA; BORÉM., 2018). As flores são compostas por 6 anteras, ovário supero e lóculos variáveis.

2.2.ÍNDICE DE SELEÇÃO NO MELHORAMENTO DE PLANTAS

Em programas melhoramento de tomateiro busca-se a convergência de características desejáveis em genótipos superiores. Este processo revela-se complexo pela origem quantitativa e de baixa herdabilidade dos genes almejados (LEITE et al., 2016). Assim, torna-se indispensável meios mais eficientes de definir critérios para a seleção.

Quando o melhoramento se baseia em poucos critérios, o incremento genético pode ser refletido apenas nas características selecionadas (VASCONSELOS et al., 2010). Desse modo, genótipos superiores são obtidos através da reunião de várias características que conferem rendimento acentuado.

Para traçar uma estratégia de melhoramento, utilizar informações como estimativa de herdabilidade, ganho genético e correlações genéticas são mais indicados (LEITE et al., 2016).

O índice de seleção alternativamente a outros métodos, promove seleção simultânea eficiente por meio da combinação linear de múltiplas características, assim, elevando as chances de sucesso no programa de melhoramento (ROSADO et al., 2012; REZENDE et al., 2014). Com isso, os caracteres combinados, definidos como foco do programa de melhoramento, geram um valor numérico. Os índices de seleção comumente reduzem os ganhos individuais, mas os distribuem de maneira favorável. Vale ressaltar que diferentes índices podem promover resultados mais satisfatórios na seleção das progênes, portanto, definir o índice mais adequado torna a seleção de progênes mais veloz e eficiente (BÁRBARO et al., 2009).

Williams (1962), Smith (1936) e Hazel (1943), Mulamba & Mock (1978) e Cruz (2006) propuseram os índices de maior utilização no ramo de melhoramento de plantas.

Williams (1962) estabeleceu combinações lineares a partir da premissa fenotípica média dos caracteres ponderados pelo peso econômico. O índice é definido pela equação:

$$I = a_1 y_1 + a_2 y_2 + \dots + a_n y_n = \sum_{i=1}^n a_i y_i = y'a$$

Em que:

y: são as médias;

a: são os pesos econômicos dos caracteres estudados.

O índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943) se define pela combinação linear de caracteres importantes economicamente. Nesse sentido, a correlação entre o índice e o agregado genotípico deve ser maximizado pelo coeficiente de ponderação, este, se estabelece por outra combinação linear, envolvendo valores genéticos ponderados pelos seus respectivos valores econômicos. O índice de seleção (I) e o agregado genotípico (H) são representados pelas equações:

$$I = b_1 y_1 + b_2 y_2 + \dots + b_n y_n = \sum_{i=1}^n b_i y_i = y'b$$

$$H = a_1 g_1 + a_2 g_2 + \dots + a_n g_n = \sum_{i=1}^n a_i g_i = g'a$$

Em que:

n: número de caracteres avaliados;

b: vetor de dimensão 1 x n dos coeficientes de ponderação do índice de seleção a ser estimado;

y: matriz de dimensão n x p (plantas) de valores fenotípicos dos caracteres;

a: é o vetor de dimensão 1 x n de pesos econômicos previamente estabelecidos;

g: matriz de dimensão n x p de valores genéticos desconhecidos dos n caracteres considerados.

O vetor $b = P^{-1}Ga$, em que P^{-1} é o inverso da matriz, de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias fenotípicas entre os caracteres. G é a matriz, de dimensão n x n, de variâncias e covariâncias genéticas entre os caracteres.

O ganho esperado para o caráter j é expresso pela equação:

$$\Delta g_j(i) = DS_j(i) h^2_j$$

Em que:

$\Delta g_j(i) = g_j(i)$: ganho esperado para o caráter j, com a seleção baseada no índice I;

$DS_j(i)$: diferencial de seleção do caráter j, com a seleção baseada no índice I;

h^2_j : herdabilidade do caráter j, no sentido amplo.

Mulamba e Mock (1978) definiram o índice de soma de “ranks” classificando os genótipos em relação a cada um dos caracteres. Tal classificação se ordena favoravelmente ao melhoramento. As principais vantagens deste índice são a eliminação da necessidade de determinar pesos econômicos e remove a utilização da estimativa de variância e covariância. No índice, foram somadas as ordens de cada genótipo como revela a equação a seguir:

$$I = r_1 + r_2 + \dots + r_n$$

Em que:

I: valor do índice para determinado indivíduo ou família;

r_j: classificação (ou “rank”) de um indivíduo em relação ao j-ésimo caráter;

n: número de caracteres considerados no índice.

Os pesos são dados por:

$$I = p_1r_1 + p_2r_2 + \dots + p_nr_n$$

Em que:

p_j: peso econômico atribuído ao j-ésimo caráter.

Cruz (2006) obteve o índice da Distância Genótipo-Ideótipo (GDI) a partir das médias fenotípicas ajustadas e as distâncias euclidianas de cada indivíduo a um genótipo ideal. O autor considera que:

X_{ij}: é o valor fenotípico médio do i-ésimo genótipo em relação à j-ésima característica;

Y_{ij}: representa o valor fenotípico médio padronizado;

C_j: constante relativa à depreciação da média do genótipo, por não estar dentro dos padrões desejados pelo melhorista.

LI_j = limite inferior a ser apresentado pelo genótipo, relativo à característica j, conforme o padrão desejado pelo melhorista;

LS_j = limite superior a ser apresentado pelo genótipo;

VO_j = valor ótimo a ser apresentado pelo genótipo, sob seleção.

Se $LI_j \leq X_{ij} \leq LS_j$, então $Y_{ij} = X_{ij}$;

Se $X_{ij} < LI_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LI_j - C_j$;

Se $X_{ij} > LS_j$, $Y_{ij} = X_{ij} + VO_j - LS_j + C_j$.

O procedimento foi considerado $C_j = LS_j - LI_j$.

Os valores de Y_{ij} se definem pela equação:

$$Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{Y_{ij}}{S(Y_j)}$$

Em que:

S(Y_j) = o desvio padrão dos valores fenotípicos médios e peso econômico das características.

O cálculo necessitou da padronização de VO_j , representado por:

$$Y_{ij} = \sqrt{a_j} \frac{VO_j}{S(Y_j)}$$

O índice DGI é representado pela fórmula:

$$I_{DGI} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{j=1}^n (Y_{ij} - VO_j)^2}$$

3.MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado no período de maio a julho de 2018, na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia, Campus Monte Carmelo, MG (18°42'43,19"S, 47°29'55,8" e altitude de 873 m). As plantas foram cultivadas em casa de vegetação do tipo arco (7 x 21 m), com pé direito de quatro metros, coberta com filme de polietileno transparente de 150 micra aditivado contra raios ultravioleta e cortinas laterais de tela branca anti-afídeo.

O material genético avaliado consistiu de 116 linhagens avançadas de tomate pertencentes ao bando de germoplasma do programa de melhoramento de tomateiro da Universidade Federal de Uberlândia (UFU).

A semeadura das linhagens avançadas foi realizada em bandejas de poliestireno (200 células) em 16 de janeiro de 2018. O transplântio das mudas em solo ocorreu 31 dias após a semeadura, para canteiros no interior da casa de vegetação. O solo apresentou as seguintes características: pH (H₂O) = 5.9; P disponível = 30.1 mg.dm⁻³; K = 0.22; Ca⁺² = 2.8 cmolc.dm⁻³; Mg = 1.0 cmolc.dm⁻³; H⁺ Al trocável = 3.40 cmolc.dm⁻³; matéria orgânica = 4.2 dag Kg⁻¹; Al = 0.0 cmolc.dm⁻³; CTC pH 7.0 = 7.42 cmolc.dm⁻³; Cobre = 2.3 mg.dm⁻³; Zinco = 6.6 mg.dm⁻³ e Manganês = 6.6 mg.dm⁻³. Durante toda a condução do experimento, os tratamentos culturais foram realizados conforme preconizado para a cultura do tomateiro cultivado em ambiente protegido (ALVARENGA, 2013). As plantas foram conduzidas verticalmente com uma haste no sistema de tutoramento por fitilhos.

O experimento foi instalado utilizando o delineamento de blocos casualizados com 116 tratamentos (linhagens avançadas) e duas repetições. As parcelas experimentais foram constituídas por cinco plantas, distribuídas no espaçamento de 0,2 x 0,2 m entre plantas e de 1,0 m entre canteiros, totalizando 1160 plantas.

As colheitas foram realizadas semanalmente, no período de 9 de maio a 6 de julho de 2018, totalizando oito colheitas. Os frutos de cada parcela experimental foram colhidos em estágio de maturação completa, sendo avaliados os seguintes caracteres agrônômicos:

Teor de clorofila total (Índice SPAD) (CT): determinado mediante cinco leituras com clorofilômetro, modelo Minolta SPAD-502, em duas plantas por parcela. A medida ocorreu na distância de 0,02 m da borda e 0,05 m da nervura central das folhas. As leituras foram realizadas de uma vez por semana durante quatro semanas.

Temperatura foliar: A leitura foi realizada utilizando o pirômetro Infrared modelo B-max com leitura de -50°C até 420 °C. A distância entre o aparelho e a planta foi de aproximadamente 15 cm. As leituras foram realizadas em intervalo de 30 minutos no horário das 8:00 horas até 8:30 no período da manhã. O laser foi apontando para o limbo foliar sendo analisadas cinco folhas por planta em cada parcela. A frequência foi de uma vez por semana durante quatro semanas.

Número de frutos planta⁻¹(NF): razão entre a contabilização total dos frutos e o número de plantas da parcela.

Produtividade (kg planta⁻¹) (P): razão entre o peso dos frutos colhidos e o número de plantas presentes na parcela.

Distância da primeira penca ao solo (cm) (DP): Foi mensurado com auxílio de régua (cm). Foram analisadas duas plantas centrais de cada parcela, e, em seguida, realizou-se a média entre as medidas obtidas.

Diâmetro do fruto (DF): determinado com paquímetro. O fruto foi posicionado na vertical e o paquímetro na horizontal. Analisou-se cinco frutos por parcela.

Comprimento do fruto: determinado utilizando o paquímetro. O fruto e o paquímetro foram posicionados na vertical. Foram mensurados cinco frutos por parcela.

Comprimento de internódios (cm) (I): comprimento entre todos os nós da planta, situados desde o início da bifurcação das hastes até a primeira folha logo abaixo da última inflorescência. O comprimento de internódios foi aferido com o auxílio de régua (cm), em duas plantas centrais da parcela, em seguida, procedeu-se com o cálculo da média entre as medidas obtidas.

Teor de sólidos solúveis totais (°Brix) (TSS): obtido pela média de 3 frutos colhidos em todas as pencas de duas plantas centrais da parcela. Após a colheita, cada

frutos foi triturado em liquidificador e analisado quanto ao teor de sólidos solúveis totais utilizando Refratômetro Digital Portátil (Atago PAL-1 3810).

Os dados obtidos foram analisados de dois modos distintos: análise univariada (teste de médias) e índices de seleção (estimativa do ganho de seleção). Para a análise univariada, os dados foram submetidos à análise de variância ($F=0,05$) e as médias comparadas pelo teste Scott-Knott ($p=0,05$). Para as estimativas dos ganhos de seleção, foram utilizadas as metodologias de seleção direta e indireta; índice clássico, proposto por Smith (1936) e Hazel (1943); índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978); índice base de Willians (1962); e índice da distância genótipo-ideótipo (DGI). O critério de seleção utilizado foi reduzir os caracteres I e TF e aumentar CT, NF, P, DP, DF, CF e TSS. Para o índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba & Mock (1978) e índice base de Willians (1962) foi adotado peso econômico igual a 1 para todos os caracteres, exceto produtividade e teor de sólidos solúveis, com peso econômico igual a 2. Os valores ótimos, limites inferiores e superiores foram determinados de acordo com o desejável para cultura. Todas as análises genéticas e estatísticas foram processadas por meio do Programa Computacional em Genética e Estatística - Programa GENES (CRUZ, 2016).

4.RESULTADOS E DISCUSSÃO

De maneira geral, as linhagens avançadas de tomateiro se diferenciaram entre si quanto à temperatura foliar, número de frutos, produtividade, distância da primeira penca ao solo, diâmetro transversal do fruto e quanto ao comprimento de internódios (Tabela 1).

Tabela 1: Médias obtidas para as nove características agronômicas avaliadas em 115 linhagens avançadas de tomateiro.

Gen ¹	CT ²	TF	NF	P	DP	DT	DL	I	TSS
1	52,3	21,5	11,6 b	0,9 b	62,0 a	5,1	5,8	11,2	4,6
2	48,5	21,9	21,5 a	1,7 a	66,3 a	5,2	5,6	9,6	4,9
3	48,2	22,0	22,9 a	1,3 a	53,3 a	4,8	4,8	8,6	5,0
4	51,5	22,3	24,8 a	1,6 a	56,8 a	5,4	5,4	9,1	4,8
5	53,1	21,4	14,2 b	1,0 b	51,3 b	4,5	9,2	9,8	5,6

6	57,6	22,1	14,9 b	1,2 a	59,8 a	5,4	5,3	7,1	5,7
7	52,5	22,1	17,5 b	0,9 b	51,0 b	4,2	4,9	10,0	6,7
8	50,3	22,3	15,7 b	0,7 b	56,8 a	4,8	4,7	8,5	4,9
9	50,7	21,9	15,5 b	1,4 a	53,4 a	6,0	8,2	8,8	4,9
10	63,3	21,3	16,5 b	1,2 b	50,0 b	5,3	4,2	8,6	4,9
11	62,5	21,5	15,0 b	1,2 a	59,0 a	6,0	5,1	9,0	5,5
12	56,8	21,5	23,4 a	1,2 a	56,1 a	6,3	5,2	7,7	6,7
13	52,8	21,5	19,2 a	1,4 a	54,8 a	5,5	5,2	10,3	5,9
14	59,4	21,2	17,0 b	1,1 b	43,6 b	5,9	4,9	8,7	4,9
15	55,7	21,4	23,8 a	1,4 a	47,0 b	5,1	4,0	14,4	4,7
16	57,8	21,7	20,2 a	0,8 b	56,4 a	4,5	3,8	8,9	6,4
17	57,7	21,4	18,8 a	0,9 b	62,6 a	5,0	4,6	9,6	5,9
18	47,7	21,3	20,0 a	1,5 a	54,0 a	4,7	5,6	10,7	6,4
19	51,4	21,1	15,6 b	0,6 b	46,3 b	3,9	4,5	11,5	7,1
20	48,7	21,3	14,9 b	0,6 b	58,5 a	4,5	5,3	12,5	6,2
21	44,6	21,8	13,3 b	0,7 b	71,0 a	4,9	4,6	11,0	6,1
22	45,1	21,4	15,7 b	1,1 b	59,5 a	5,1	5,6	9,2	5,5
23	54,1	21,5	14,5 b	0,8 b	55,6 a	5,7	5,1	8,1	6,3
24	57,5	21,3	20,9 a	0,8 b	64,3 a	4,1	7,3	9,6	6,0
25	59,5	21,8	15,3 b	0,7 b	47,0 b	4,9	4,1	8,0	7,1
26	118,0	20,5	11,4 b	0,9 b	68,5 a	5,3	4,9	9,2	5,6
27	61,2	21,5	13,6 b	0,8 b	55,8 a	6,3	5,3	6,8	7,1
28	53,3	21,8	17,0 b	1,2 a	56,3 a	6,0	5,0	8,6	6,2
29	57,4	21,8	12,4 b	1,0 b	62,5 a	5,4	4,5	7,8	5,4
30	60,0	21,7	19,0 a	1,7 a	63,5 a	6,0	4,8	9,1	7,2
31	57,9	22,2	12,6 b	0,8 b	55,3 a	5,2	3,8	8,4	6,5
32	61,9	21,5	14,3 b	1,2 a	41,5 b	6,0	5,1	7,5	6,7
33	63,0	22,1	14,4 b	1,3 a	52,3 b	6,7	5,6	7,7	6,9
34	59,3	22,2	26,1 a	1,9 a	51,3 b	5,2	4,1	8,1	5,3
35	60,6	22,3	19,5 a	1,7 a	56,8 a	5,8	4,7	7,6	6,7
36	63,3	21,7	20,9 a	2,6 a	54,0 a	7,2	5,4	8,5	6,9
37	62,2	22,0	13,0 b	1,2 a	48,0 b	5,1	4,3	7,1	7,4
38	62,8	22,0	20,3 a	1,9 a	42,8 b	6,5	4,3	8,5	8,6
39	60,0	22,3	19,6 a	1,2 a	44,3 b	5,6	4,4	8,2	5,2
40	59,2	22,1	14,0 b	1,4 a	47,3 b	6,3	5,0	9,2	5,7
41	54,6	21,6	29,0 a	1,2 a	56,8 a	4,4	7,9	8,2	6,3
42	52,3	21,5	20,4 a	0,7 b	64,0 a	3,7	9,8	8,3	7,7
43	54,0	21,9	8,1 b	0,5 b	68,8 a	5,6	5,0	9,5	6,8
44	55,6	21,8	13,0 b	1,1 b	50,8 b	5,5	4,9	8,7	5,5
45	50,0	22,1	12,0 b	0,8 b	49,8 b	5,0	5,1	7,4	6,2
46	54,3	21,6	13,4 b	1,0 b	48,8 b	5,8	5,2	8,7	5,4
47	54,1	21,5	17,9 a	1,1 b	54,0 a	5,4	5,4	8,0	5,9
48	48,8	22,1	15,6 b	0,9 b	48,8 b	3,7	5,7	10,4	6,0
49	59,6	22,0	20,3 a	0,9 b	54,3 a	4,5	3,7	7,5	6,0
50	111,9	21,9	10,9 b	0,6 b	57,5 a	6,4	5,4	10,4	6,4
51	59,7	22,1	12,7 b	1,0 b	46,5 b	5,1	4,4	7,6	6,0
52	57,4	22,2	13,9 b	0,9 b	48,8 b	6,2	5,3	8,1	6,5
53	56,1	21,6	17,5 b	1,5 a	46,3 b	5,7	4,7	7,7	5,9
54	57,3	22,0	18,9 a	1,4 a	49,3 b	6,7	5,1	8,5	6,4
55	57,9	22,2	27,7 a	1,2 a	44,3 b	5,7	4,7	8,3	5,0
56	54,3	22,3	13,9 b	1,1 b	43,5 b	5,4	5,0	9,4	5,4
57	56,7	22,3	19,9 a	0,9 b	34,8 b	4,9	4,2	7,7	6,8
58	58,2	22,3	18,9 a	1,8 a	68,0 a	8,9	7,7	9,3	6,5
59	55,6	21,7	15,2 a	1,1 b	53,9 a	6,1	5,1	8,1	6,3
60	53,5	22,3	21,0 a	1,5 a	55,5 a	7,2	6,3	8,5	5,9
61	53,5	22,2	18,1 a	0,8 b	47,8 b	4,8	4,1	9,0	7,0
62	65,5	21,6	22,6 a	1,9 a	55,0 a	5,8	4,8	8,0	6,2
63	57,0	21,7	12,5 b	1,5 a	61,0 a	7,5	6,2	8,0	6,2

64	61,3	21,5	17,1 b	1,0 b	58,0 a	4,7	4,0	9,5	6,5
65	68,0	21,2	21,8 a	1,6 a	51,8 b	5,4	4,4	9,0	5,6
66	57,4	21,4	11,9 b	0,7 b	56,6 a	5,9	4,8	8,6	7,6
67	53,1	21,7	10,3 b	0,7 b	59,5 a	5,4	4,3	8,3	6,4
68	62,6	21,5	12,7 b	1,0 b	49,5 b	6,7	6,3	9,4	5,8
69	59,3	21,3	12,8 b	0,9 b	51,8 b	8,2	7,6	8,2	6,4
70	55,5	21,4	16,9 b	1,3 a	47,0 b	7,0	9,7	8,1	6,7
71	61,0	21,9	18,0 a	1,0 b	45,8 b	5,2	4,5	6,4	5,1
72	66,4	21,7	16,7 b	1,5 a	61,8 a	6,3	5,3	8,4	6,5
73	63,5	22,2	13,3 b	1,0 b	50,5 b	6,1	4,7	7,6	7,8
74	55,2	21,9	17,2 b	1,4 a	55,0 a	8,4	7,4	7,7	6,0
75	54,9	21,9	19,8 a	1,5 a	53,0 b	5,5	5,0	9,0	6,5
76	54,8	21,4	17,8 a	1,0 b	42,0 b	5,2	4,3	9,2	6,5
77	53,2	21,5	11,7 b	0,9 b	36,0 b	8,4	7,4	7,7	6,0
78	55,9	21,6	21,5 a	1,0 b	51,3 b	6,1	5,5	9,9	7,2
79	60,7	21,5	16,8 b	1,3 a	54,0 a	7,3	6,7	8,4	6,7
80	55,2	21,6	13,4 b	0,8 b	55,0 a	6,4	5,0	7,9	9,0
81	61,6	21,5	15,8 b	1,0 b	46,3 b	6,9	9,4	7,3	6,5
82	61,0	21,7	14,6 b	0,7 b	51,0 b	5,0	4,3	7,8	6,8
83	62,6	21,5	17,6 a	1,7 a	52,0 b	6,4	5,2	8,5	6,8
84	60,2	21,4	15,8 b	1,2 a	49,3 b	5,3	4,5	8,2	5,4
85	66,6	21,1	21,8 a	1,5 a	53,8 a	5,1	4,0	10,8	5,8
86	57,6	21,2	16,6 b	1,1 b	59,0 a	5,5	4,7	9,4	4,4
87	109,5	21,7	19,5 a	1,1 b	53,5 a	5,5	5,0	9,4	5,9
88	61,4	21,5	16,1 b	1,9 a	57,8 a	6,2	10,9	9,1	5,8
89	58,4	21,2	16,3 b	0,8 b	54,0 a	4,7	3,6	8,1	5,6
90	52,9	21,4	15,1 b	1,5 a	55,0 a	5,6	5,6	8,6	5,4
91	54,1	21,0	17,8 a	0,9 b	60,8 a	7,0	6,0	10,7	5,3
92	60,0	21,2	12,9 b	0,8 b	64,5 a	6,7	6,0	9,3	6,2
93	59,1	21,3	15,1 b	1,4 a	63,0 a	6,8	4,5	10,1	6,2
94	60,1	20,8	18,0 a	1,1 b	56,8 a	5,8	4,9	8,3	6,8
95	57,0	21,0	13,2 b	0,9 b	49,8 b	8,7	5,2	10,2	5,5
96	54,6	20,5	16,0 b	1,2 a	40,0 b	3,8	3,9	11,6	3,5
97	62,3	20,9	12,1 b	1,1 b	64,3 a	7,8	6,3	10,1	6,9
98	62,4	20,6	14,3 b	1,2 a	55,8 a	6,0	4,9	9,7	7,6
99	49,2	20,5	19,2 a	0,9 b	57,5 a	5,4	5,5	10,2	7,4
100	63,1	20,8	22,2 a	1,8 a	63,8 a	5,4	4,3	8,3	7,1
101	58,6	20,7	14,2 b	1,2 a	61,3 a	5,1	4,1	8,8	6,7
102	49,5	21,2	14,1 b	0,7 b	57,3 a	5,1	4,2	9,5	8,0
103	58,6	21,2	13,2 b	0,7 b	62,3 a	7,1	6,4	9,2	7,2
104	49,7	20,9	22,6 a	1,3 a	52,0 b	4,9	4,9	9,4	5,9
105	52,1	21,2	12,5 b	0,6 b	42,0 b	5,7	6,5	9,5	6,8
106	58,3	20,5	17,3 b	1,3 a	55,3 a	4,9	4,3	7,0	5,4
107	53,6	21,2	10,6 b	1,1 b	61,5 a	5,5	4,4	9,3	5,4
108	52,6	20,5	13,2 b	1,1 b	55,3 a	6,3	5,6	8,5	5,5
109	54,8	20,3	14,9 b	0,8 b	52,5 b	5,1	8,6	8,7	6,2
110	65,4	20,8	17,4 b	1,8 a	58,0 a	6,0	5,0	10,4	5,2
111	61,0	21,0	13,6 b	1,4 a	55,3 a	6,0	4,9	9,0	5,6
112	60,8	21,6	13,4 b	1,3 a	59,5 a	7,1	5,6	10,0	5,8
113	51,1	20,6	16,4 b	0,9 b	62,3 a	4,9	4,7	10,4	5,2
114	47,4	20,8	15,1 b	1,1 b	43,8 b	4,9	5,9	10,0	5,2
115	48,2	21,4	19,4 a	1,3 a	45,8 b	5,6	6,1	9,9	4,9
CV(%)	24,39	2,59	25,15	32,01	12,40	19,69	31,77	13,80	22,67

¹Médias seguidas por letras distintas na coluna diferem entre si pelo teste Scott-Knott a 0,05 de significância. ²CT: clorofila total (índice SPAD); TF: temperatura foliar (°C); NF: número de frutos (frutos planta⁻¹); P: produtividade (kg planta⁻¹); DP: distância da primeira penca ao solo (cm); DT: diâmetro transversal do fruto (cm); DL: diâmetro longitudinal do fruto (cm); I: distância entre internódios (cm); e TSS: teor de sólidos solúveis (°Brix).

O teor de sólidos solúveis e o diâmetro longitudinal do fruto, bem como os teores de clorofila total das folhas foram estatisticamente iguais entre todos os genótipos, com valores médios de 6,12 (°Brix); 5,4 (cm) e 58,2 (índice SPAD), respectivamente. Pelo teste Scott-Knott ($p=0,05$) foi possível identificar diferenças significativas apenas para as variáveis de número de frutos, produtividade e distância da primeira penca ao solo (Tabela 1). Pelo teste Scott-Knott não foi possível observar as diferenças de desempenho detectadas na ANOVA para as demais variáveis. Em relação ao ganho de seleção, apenas a variável teor de sólidos solúveis não apresentou estimativas positivas ou negativas, o que confere a não variabilidade genética da característica dentre os genótipos.

Considerando cada variável de efeito significativo pelo teste Scott-Knott (número de frutos, produtividade, distância da primeira penca ao solo), os genótipos de tomateiro do banco de germoplasma da UFU foram separados em dois grupos. De modo geral, os valores médios entre os grupos foram de 20,8 *versus* 14,3 para o número de frutos por planta (diferença de 31% entre grupos); 1,5 *versus* 0,9 quilos por planta (diferença de 40% entre grupos); e 47,2 *versus* 58,6 centímetros de distância entre a primeira penca e o solo (diferença de 20% entre grupos).

A não detecção de diferenças significativas em algumas variáveis pelo teste pode ter ocorrido devido à elevada quantidade de dados avaliados, proporção da amplitude de diferenças entre tratamentos, bem como ao pequeno número de repetições. Vale enfatizar que, em programas de melhoramento, com um número elevado de tratamentos por vezes faz-se necessário a redução do número de repetições, seja em função da disponibilidade do número de sementes, tempo, espaço ou recursos para a condução de experimentos. Assim, a utilização de técnicas alternativas de seleção é essencial, principalmente em função de um experimento com elevado número de tratamentos. Nesse caso, os métodos de estimativa de ganho genético podem ser uma excelente ferramenta na seleção de genótipos superiores.

A seleção direta consiste na seleção de apenas um caráter de interesse, visando obter ganhos genéticos máximos para tal característica. Todavia, em detrimento da seleção direta ser apenas em um único caráter, há possibilidade de ganhos desfavoráveis em outras características de importância agrônômica (Cruz 2012). Neste estudo, a seleção

direta promoveu os maiores ganhos individuais (Tabela 2), mas em geral, resultando em perdas de forma indireta para os demais caracteres.

Tabela 2. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para os oito caracteres avaliados, pela seleção direta e indireta, para as 115 linhagens avançadas de tomateiro.

Variáveis	GS%							
	CT ¹	TF	NF	P	DP	DT	DL	I
CT	11,41	-4,30	0,85	-1,56	-0,14	-3,90	-2,01	-2,87
TF	-6,89	82,77	-32,25	5,38	-17,74	24,06	-27,97	6,16
NF	-14,18	-7,19	95,04	-37,65	6,41	-9,73	7,41	0,63
P	-36,83	-17,35	-18,66	135,37	-44,26	13,54	-21,67	-40,68
DP	42,73	-42,66	-24,31	-10,19	120,57	-50,45	13,52	71,28
DT	-9,44	38,45	-26,01	-8,28	1,05	93,58	-36,29	-2,92
DL	-16,11	-5,82	2,79	-15,75	-6,05	-5,76	48,55	-4,27
I	23,62	-39,59	-6,47	50,94	-41,72	-21,97	-1,86	-46,12
Total	-5,69	4,31	-9,02	118,26	18,12	39,37	-20,32	-18,79

¹CT: clorofila total (SPAD); TF: temperatura foliar (°C); NF: número de frutos (frutos planta⁻¹); P: produtividade (kg planta⁻¹); DP: distância da primeira penca ao solo (cm); DT: diâmetro transversal do fruto (cm); DL: diâmetro longitudinal do fruto (cm) e I: distância entre internódios (cm). Valores em negrito correspondem ao ganho pela seleção direta.

Nenhuma das seleções diretas propiciou estimativas de ganhos genéticos satisfatórias em todas as características avaliadas. A maior estimativa de ganho foi observada na produtividade (GS=135,37%) ao selecionar 9% dos genótipos avaliados. Porém, houve redução no número de frutos (GS=-37,65%) e no aumento do comprimento entre internódios (GS=50,94%).

O aumento do número de frutos e da produtividade são objetivos essenciais em um programa de melhoramento de tomateiro. O comprimento entre internódios também é relevante, podendo influenciar no aumento do número de pencas por planta (Finzi et al. 2017). Desse modo, a seleção de genótipos superiores de tomateiro deve ser realizada com base em vários caracteres simultâneos, visando ganhos genéticos para o maior número possível de características (Vasconcelos et al. 2010, Rezende et al. 2014). O índice de seleção constitui-se numa excelente alternativa, permitindo a seleção simultânea com eficiência (Rosado et al. 2012, Cruz 2012).

As estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidas para todas as variáveis (significativas e não significativas pela ANOVA) variaram dentre os índices de seleção (Tabela 3). De maneira geral, ao selecionar apenas 9% de genótipos superiores (dez linhagens avançadas) o GS variou de 0,30 a 1,57% para o teor de clorofila total; -0,10 a 0,36% para a temperatura foliar; -6,83 a 6,31% para o número de frutos; -0,59 a 26,64% para a produtividade; 2,97 a 11,84% para a distância da primeira penca ao solo; 5,50 a 9,41% para o diâmetro do fruto; -0,63 a 4,76% para o comprimento do fruto; e de -2,93 a 2,46% para o comprimento de internódios, entre todos os índices de seleção (Tabela 3).

Tabela 3. Estimativas de ganhos de seleção (GS%) obtidos para oito variáveis, entre 115 linhagens avançadas de tomateiro obtidos pelo índice clássico proposto por Smith e Hazel (SH), índice da soma de “ranks” de Mulamba e Mock (MM), índice base de Willians (W), e índice da distância genótipo-ideótipo (DGI).

Índice	GS%								Total
	CT ¹	TF	NF	P	DP	DT	DL	I	
W	1,57	-0,10	1,96	14,53	7,00	5,20	0,08	0,72	30,96
SH	0,30	0,00	-6,83	-0,59	11,84	4,72	0,67	2,46	12,57
MM	0,35	0,36	6,31	26,64	2,97	5,5	-0,63	-2,93	38,57
DGI	0,98	0,36	-0,78	14,70	4,21	9,41	4,76	-0,12	33,52

¹CT: clorofila total (SPAD); TF: temperatura foliar (°C); NF: número de frutos (frutos planta⁻¹); P: produtividade (kg planta⁻¹); DP: distância da primeira penca ao solo (cm); DT: diâmetro transversal do fruto (cm); DL: diâmetro longitudinal do fruto (cm) e I: distância entre internódios (cm).

Considerando as características desejáveis em um programa de melhoramento de tomateiro, as maiores estimativas para ganho de seleção foram observadas no índice MM, especialmente para o número de frutos (GS=6,31%) e produtividade (GS=26,64%). Ademais, houve estimativa de redução no comprimento entre internódios (-2,93%), característica favorável para o tomateiro (Finzi et al. 2017).

Corroborando com estes resultados, em outros trabalhos comparando-se diferentes índices, o índice MM apresentou resultados mais satisfatórios para as culturas da alfafa (Vasconcelos et al. 2010), açaí (Teixeira et al. 2012), maracujá (Rosado et al. 2012), milho pipoca (Freitas et al. 2013), batata (Terres et al. 2015), e soja (Bizari et al. 2017). Ao se considerar apenas a área abaixo da curva de progresso da doença da requeima do tomateiro (*Phytophthora infestans*) e características de qualidade de fruto (teor de sólidos solúveis e acidez titulável), Nick et al. (2013) também observaram maior

ganho total estimado pelo índice MM. No estudo de Leite et al. (2016), o índice W foi o mais adequado para linhagens avançadas de soja.

Os índices W e DGI, em geral, foram semelhantes entre si, proporcionando ganhos totais distribuídos entre todos os caracteres avaliados de 30,96 e 33,52%, respectivamente, *versus* 38,57% do índice MM. Por outro lado, o índice clássico proposto SH apresentou valores indesejáveis de ganho de seleção, considerando as principais variáveis avaliadas no tomateiro. Selecionando os dez melhores genótipos propostos pelo índice, o GS foi de -6,83, -0,59 e 2,46% para o número de frutos, produtividade e comprimento de internódios, respectivamente.

Uma vez determinados os índices que propiciam maiores estimativas de ganhos genéticos, é necessário selecionar os genótipos com potencial agrônomico. De maneira geral, os maiores ganhos genéticos distribuídos de forma equilibrada entre todos os caracteres avaliados (especialmente em número de frutos, produtividade e redução de internódios) foram obtidos com os genótipos selecionados pelo índice MM, sendo estes: UFU-T36, UFU-T58, UFU-T35, UFU-T72, UFU-T38, UFU-T30, UFU-T33, UFU-T83, UFU-T62, UFU-T100 (Tabela 4).

Tabela 4. Indicação dos dez genótipos superiores de tomateiro, selecionados pelo índice clássico proposto por Smith (1936) e Hazel (1943), índice da soma de “ranks” de Mulamba&Mock (1978), índice base de Willians (1962) e índice da distância genótipo-ideótipo (DGI).

Índices de seleção			
Willians (1962)	Smith (1936) e Hazel (1943)	Mulamba e Mock (1978)	Distância genótipo-ideótipo
UFU-T26	UFU-T58	UFU-T36	UFU-T88
UFU-T50	UFU-T43	UFU-T58	UFU-T58
UFU-T87	UFU-T63	UFU-T35	UFU-T87
UFU-T58	UFU-T97	UFU-T72	UFU-T79
UFU-T100	UFU-T21	UFU-T38	UFU-T72
UFU-T72	UFU-T92	UFU-T30	UFU-T36
UFU-T30	UFU-T93	UFU-T33	UFU-T112
UFU-T36	UFU-T29	UFU-T83	UFU-T63
UFU-T97	UFU-T2	UFU-T62	UFU-T74
UFU-T62	UFU-T26	UFU-T100	UFU-T50

A utilização do GS pode reduzir significativamente o tempo e recursos necessários para a seleção de genótipos potenciais em um programa de melhoramento (HEFFNER et

al. 2011). Assim, a utilização de índices de seleção torna-se uma estratégia essencial. Não houve coerência entre os diferentes índices de seleção e sugere-se que o índice MM seja o mais adequado para a cultura do tomateiro.

5.CONCLUSÕES

O índice de seleção proposto por Mulamba e Mock (1978) foi o mais adequado para as 116 linhagens de tomateiro avaliadas. O índice indicou a seleção das linhagens: UFU-T36, UFU-T58, UFU-T35, UFU-T72, UFU-T38, UFU-T30, UFU-T33, UFU-T83, UFU-T62, UFU-T100.

REFERÊNCIAS

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

BÁRBARO, I. M.; MAURO, A. O.; CENTURIM, M. A. P. C.; MACHADO, P. C.; BARBARO JUNIOR, S. B. Análise genética em populações de soja resistentes ao cancro da haste e destinadas para áreas de reforma de canavieiras. **Colloquium Agrariae**, Presidente Prudente, v. 5, p. 7-24, 2009.

BIZARI, E. H.; VAL, B. H. P. ; PEREIRA, E. D. M.; MAURO, A. O. D.; UNÊDA-TREVISOLI, S. H. Selection indices for agronomic traits in segregating populations of soybean. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 110-117 2017. DOI: <https://doi.org/10.5935/1806-6690.20170012>

BIZARI, E. H. **Índices de seleção para caracteres agronômicos em populações segregantes de soja**. Orientadora: Sandra Helena Unêda Trevisoli, 2014. 32f. Tese (Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas), Faculdade de Ciências Agrárias e Veterinária, Universidade Estadual Paulista, Jaboticabal, 2014. Disponível em: [000794282.pdf \(unesp.br\)](https://doi.org/10.11606/D.2014.000794282.pdf).

BORBA, M. E. A.; MACIEL, G. M.; FRAGA JÚNIOR, E. F.; MACHADO JÚNIOR, C. S.; MARQUEZ, G. R.; SILVA, I. G.; ALMEIDA, R. S. Gas exchanges and water use efficiency in the selection of tomato genotypes tolerant to water stress. **Genetics and Molecular Research**, v.16, p.1-9, 2017. DOI: <https://doi.org/10.4238/gmr16029685>.

CONAB - COMPANHIA NACIONAL DE ABASTECIMENTO. **Batata, cebola e tomate**: caracterização da produção e da comercialização na Região Integrada de Desenvolvimento Econômico do Distrito Federal e Entorno – Ride-DF. Brasília, DF: Conab, 2021. 29 p. (Compêndio de Estudos Conab, v. 28). Coordenação Técnica: BUENO, Rafael Borges; LACERDA, Diracy Betânia Cavalcante Lemos; FRAGA, Joyce Silvino Rocha Oliveira.

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

CRUZ, C.D. **Programa Genes**: biometria. Viçosa: UFV, 2006. 382p.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4.ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p

FINZI, R. R. et al. Agronomic performance of mini-tomato hybrids from dwarf lines. **Ciência e Agrotecnologia**, 41(1):15-21, 2017.

FREITAS, I. L. J.; AMARAL JUNIOR, A. T.; VIANA, A. P.; PENA, G. F.; CABRAL, P. S.; VITTORAZZI, C.; SILVA, T. R. C. Ganho genético com índices de seleção com REML/Blup em milho-pipoca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.48, n.11, p.1464-1471, nov. 2013. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013001100007>.

HEFFNER, E. L.; JANNINK, J. L.; SORRELLS, M. E. Genomic selection accuracy using multifamily prediction models in a wheat breeding program. **The Plant Genome**, v. 4, n. 1, p. 65–75, 2011.

LEITE, W. S.; PAVAN, B. E.; MATOS FILHO, C. H. A.; ALCANTARA NETO, F.; OLIVEIRA, C. B.; FEITOSA, F. S. Estimativas de parâmetros genéticos, correlações e índices de seleção para seis caracteres agrônômicos em linhagens F8 de

soja. **Comunicata Scientiae**, v. 7, n. 3, p. 302-310, 2016. DOI: <http://dx.doi.org/10.14295/cs.v7i3.1176>.

MACIEL, G.M. et al. Multivariate techniques in the determination of genetic diversity in pest-resistant mini tomato genotypes. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 4, p. 504-509, 2018.

MULAMBA, N. N.; MOCK, J. J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Citology**, [s.l.], v.7, p. 40-51, 1978.

NICK, C.; BORÉM, A. **Melhoramento de hortaliças**. Viçosa: UFV, 2016. cap.13, p.396-431.

NICK, C.; SILVA, D. J. H.; BORÉM, **TOMATE: do plantio a colheita**. Viçosa: UFV, 2018 cap.1, p.9-21.

OLIVEIRA, E. J. et al. Correlações genéticas e análise de trilha para número de frutos comerciais por planta em mamoeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.45, p.855-862, 2010.

PEIXOTO, J.V.M. et al. Post-harvest evaluation of tomato genotypes with dual purpose. **Food Sci Technol**, v. 38, n.1, p.1-8, 2018.

PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M.; KNAPP, S. Taxonomy of wild tomatoes and their relatives (*Solanum* sect. *Lycopersicoides*, sect. *Juglandifolia*, sect *Lycopersicum*; Solanaceae). **Systematic Botany Monographs**, v.84, p.186, 2008. DOI: <http://dx.doi.org/10.2307/25027972>.

REZENDE, J. C. et al. Genetic progress in coffee progenies by different selection criteria. **Coffee Science**, 9(3):347-353, 2014.

ROSADO, L. D. S.; SANTOS, C. E. M. D.; BRUCKNER, C. H.; NUNES, E. S.; CRUZ, C. D. Simultaneous selection in progenies of yellow passion fruit using

selection indices. **Revista Ceres**, Viçosa, v. 59, n. 1, p. 95-101, 2012. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2012000100014>.

SCOTT, A. J.; KNOTT, M. A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, 30(3):07-512, 1974.

SMITH, H. F. A discriminant function for plant selection. **Annual Eugenics**, [s.l.], v. 7, p. 240-250, 1936. DOI: <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02143.x>

TEIXEIRA, D. L. T.; OLIVEIRA, M. S. P.; GONÇALVES, F. M. A.; NUNES, J. A. R. Índices de seleção no aprimoramento simultâneo dos componentes da produção de frutos do açaizeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.47, n.2, p237-243, 2012.

TERRES L. R.; LENZ E.; CASTRO C. M.; PEREIRA A. S. Estimativas de ganhos genéticos por diferentes índices de seleção em três populações híbridas de batata. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 3, p. 305-310, 2015. DOI: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620150000300005>.

VASCONCELOS, E. S.; FERREIRA, R. P.; CRUZ, C. D.; MOREIRA, A.; ROSSANI, J. B.; FREITAS, A. F. Estimativas de ganho genético por diferentes critérios de seleção em genótipos de alfafa. **Revista Ceres**, Viçosa, v.57, n.2, p.205-210, 2010.

WILLIAMS, J. S. The evaluation of a selection index. **Biometrics**, [s.l.], v. 18, p. 375-393, 1962.