

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

JORDANA SOARES DE JESUS

ANÁLISE MULTIVARIADA E USO DE REDES NEURAS ARTIFICIAIS PARA
CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS DE TOMATEIRO PROVENIENTES DE PARENTAL
MASCULINO ANÃO

Monte Carmelo
2024

JORDANA SOARES DE JESUS

ANÁLISE MULTIVARIADA E USO DE REDES NEURAS ARTIFICIAIS PARA
CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS DE TOMATEIRO PROVENIENTES DE PARENTAL
MASCULINO ANÃO

Plano de Trabalho de Conclusão de Curso
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 (a): Prof. Dr. Gabriel
Mascarenhas Maciel

Monte Carmelo
2024

JORDANA SOARES DE JESUS

ANÁLISE MULTIVARIADA E USO DE REDES NEURAS ARTIFICIAIS PARA
CARACTERIZAÇÃO DE HÍBRIDOS DE TOMATEIRO PROVENIENTES DE PARENTAL
MASCULINO ANÃO

Plano de Trabalho de Conclusão de Curso
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 (a): Prof. Dr. Gabriel
Mascarenhas Maciel

Monte Carmelo, 01 de Novembro de 2024

Banca Examinadora:

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel
Orientador (a)

Me. Ana Luísa Alves Ribeiro
Membro da banca

Me. Lucas Medeiros Pereira
Membro da banca

AGRADECIMENTOS

Acima de tudo e de todos, agradeço à Deus, por toda graça em minha vida. Ele é quem me sustenta e me faz batalhar todos os dias para me tornar a mulher que desejo ser.

Em sequência, agradeço com todo meu amor aos meus pais, Leoner e Josivane, por serem minha base e por me permitirem o privilégio de cursar uma universidade federal tão qualificada como a UFU. Meu papai nos últimos anos foi meu maior ouvinte e apoiador, e minha mamãe, sofreu comigo o sacrifício de estar longe de casa. Sou muito grata por ter vocês ao meu lado. Todo esforço, tudo, é por vocês!

Agradeço as minhas irmãs caçulas, Jéssica e Fernanda, que foram minha saudade diária e minha motivação para me tornar exemplo. E ao meu irmão também, Bruno, que mesmo distante está sempre presente em meu coração.

Agradeço ao querido Juliano, por ter sido meu companheiro e todo meu suporte emocional em todos os momentos. Amei viver essa fase com você!

Agradeço à toda minha família de maneira geral, por sempre acreditarem em mim. Vovô Zéca e vovó Arilene, eu os amo incondicionalmente.

Agradeço à todas as minhas amigas, em especial a Anna Luiza Bocalom, a Ana Laura Dorça e a Isabella Bocalom, por tornarem essa caminhada mais feliz. Vou sentir saudades!

Agradeço ao meu orientador, Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas, por toda orientação e por todo suporte acadêmico nesta jornada. Poder ter tido a oportunidade de aprender com sua mente brilhante, foi uma honra.

Agradeço à todos os membros do Grupo de Melhoramento Genético em Hortaliças (GenHort) da Universidade Federal de Uberlândia, que em suas individualidades, foram essenciais para o meu projeto. Em especial, deixo registrado meu agradecimento à Sara Milena, por ter dividido comigo a experiência de todo o trabalho.

Agradeço do fundo do coração a todos os docentes da UFU, os quais me moldaram e compartilharam comigo seus conhecimentos, permitindo me tornar a profissional que sou hoje. Cheguei até aqui graças a vocês!

Agradeço por fim, a todos aqueles que traçaram meu caminho nestes últimos cinco anos, contribuindo para essa vivência incrível que foi a minha graduação. E todos aqueles, sendo da universidade ou não, que torceram pelo meu bem.

“À Ele tudo devo, e nEle tudo confio.”

RESUMO

As hortaliças, em especial o tomate (*Solanum lycopersicum* L.), têm se tornado cada vez mais presentes na dieta populacional, o que tem aumentado a demanda por esses produtos no mercado. O tomate assim, é considerado uma das hortaliças mais importantes, pois além do seu consumo *in natura*, também é muito utilizado na indústria de processamento. Existem diversos tipos de tomates, com diferentes cores, tamanhos e formatos. Além do valor econômico, o agronegócio do tomate gera renda e empregos diretos e indiretos. Com isto, o uso de genes de nanismo tem sido bastante empregado pelos melhoristas com o objetivo de melhorar o desempenho da cultura. Estudos têm mostrado resultados significativos para produtividade e quantidade de sólidos solúveis a partir do cruzamento entre linhagens de porte anão e normal. E o uso das redes neurais artificiais para análises da dissimilaridade genética em tomateiros anões tem sido bastante empregada. Com base no exposto, o objetivo deste trabalho foi avaliar o potencial agrônomo dos híbridos de tomateiros provenientes de parentais masculinos de porte anão através do uso de análises multivariadas e redes neurais. O experimento foi realizado em casa de vegetação na Estação Experimental de Hortaliças da UFU e no Laboratório de Recursos Genéticos. Foram utilizados genótipos provenientes do cruzamento entre linhagens anãs e pré-comerciais. Estimou-se os coeficientes de correlação fenotípica e genotípica entre as características teor de açúcares, formato de fruto, espessura da polpa, número de lóculos, produtividade, peso médio de fruto e número de frutos por planta. Para análises de dissimilaridade, o dendrograma obtido pelo método UPGMA. O método de Redes Neurais foi utilizado para classificar os tratamentos em função do número de neurônios, representar os neurônios e a magnitude de influência das variáveis e apresentar as distâncias dos vizinhos mais próximos e clusterização dos neurônios. E diante dos métodos, foi possível observar que os híbridos provenientes de parentais masculinos anões apresentaram aumento na produtividade quando comparados com os parentais, e observou-se que o teor de açúcar está relacionado ao formato alongado dos frutos. Para outras características produtivas, a herança genética foi atribuída às parentais femininas. Por fim, as análises de redes neurais indicaram que os híbridos são similares entre si, e que as características agrônomicas foram herdadas das parentais femininas, enquanto o teor de açúcar e o formato dos frutos foram derivados dos parentais masculinos.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*.; melhoramento genético; fenótipo anão; heterose.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

- Figura 1.** Esquema da única camada oculta da rede neural.....13
- Figura 2.** Gráfico de correlação para as características relacionadas à ACIL: teor de açúcares, nmol cm^{-2} de área foliar; FF: formato de fruto, EP: espessura da polpa, cm; NL: número de lóculos; PROD: produtividade, toneladas por hectare; PMF: peso médio de fruto, gramas e NFP: número de frutos por planta. Correlações positivas são exibidas em tons de azul e correlações negativas expressas em tons de vermelho à 5% pelo coeficiente de correlação de Pearson.....14
- Figura 3.** Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre as testemunhas, parentais e híbridos de tomateiro, obtido pelo método UPGMA. ACIL: teor de açúcares, nmol cm^{-2} de área foliar; FF: formato de fruto, EP: espessura da polpa, cm; NL: número de lóculos; PROD: produtividade, toneladas por hectare; PMF: peso médio de fruto, gramas e NFP: número de frutos por planta. PF: parental feminino; PM: Parental masculino.....15
- Figura 4.** (A): Classificação dos tratamentos em função do número de neurônios. (B): Representação dos neurônios e a magnitude de influência das variáveis. (C): Distâncias dos vizinhos mais próximos e clusterização dos neurônios com base no método UPGMA em função das distâncias. ACIL: teor de açúcares, nmol cm^{-2} de área foliar; FF: formato de fruto, EP: espessura da polpa, cm; NL: número de lóculos; PROD: produtividade, toneladas por hectare; PMF: peso médio de fruto, gramas e NFP: número de frutos por planta. I, II, III, IV e V: clusters obtidos após o agrupamento dos tratamentos. PM: Parental masculino; PF: Parental feminino; 1: Híbrido 1 (PF x PM 1); 2: Híbrido 2 (cv. Rio Grande x PM 2); 3: Híbrido 3 (Rio Grande x PM 1); 4: Híbrido 4 (PF x PM 2); 5: Parental masculino 1 (UFU-1045122); 6: Parental masculino 2 (UFU-1045622); 7: cv. Rio Grande; 8: Parental feminino (UFU-T1212SD); 9: cv. Santa Clara.....16

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	7
2. REFERENCIAL TEÓRICO	8
2.1. ASPECTOS GERAIS.....	8
2.2. MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO.....	9
2.3. TOMATEIRO ANÃO.....	10
2.4. POTENCIAL HÍBRIDO E HETEROSE	11
2.5. CARACTERIZAÇÃO DE BANCOS DE GERMOPLASMA: ANÁLISE MULTIVARIADA E REDES NEURAS ARTIFICIAIS	11
3. MATERIAL E MÉTODOS.....	12
3.1. ANÁLISE ESTATÍSTICA	14
4. RESULTADOS E DISCUSSÕES	16
5. CONCLUSÃO.....	22
6. REFERÊNCIAS	23

1. INTRODUÇÃO

Ao longo das últimas décadas, as hortaliças têm se tornado cada vez mais presentes na dieta populacional, e, como resultado, a demanda por uma variedade constante desses produtos tem aumentado no mercado. A FAOSTAT (2020) afirma que o tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) trata-se de uma cultura economicamente relevante no setor agrícola mundial, sendo a segunda hortaliça de maior importância em termos de produção e área cultivada.

Assim, o tomate é considerado uma das espécies olerícolas mais importantes, pois além de seu uso *in natura* também pode ser utilizado no processamento industrial. O processamento do tomate e a comercialização podem ocorrer de diversas formas, como extrato, polpa, molho e tomate pelado (Seus, 2015). Os diversos tipos de tomates podem ser encontrados em todo o mundo, variando desde os tradicionais com casca vermelha até os com tons esverdeados e arroxeados. Além disso, o formato e o tamanho do fruto também podem variar.

Ademais, além do valor econômico da produção, o cultivo do tomateiro gera renda e empregos diretos e indiretos para milhares de trabalhadores no campo e nas cidades, posicionando o tomate como uma das lavouras de maior importância social no Brasil (Alves *et al.*, 2009; Rocha, 2011).

Desta forma, 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). Estudos realizados por Finzi *et al.* (2017) apresentaram resultados significativos para produtividade e quantidade de sólidos solúveis a partir da obtenção de híbridos de minitomate provenientes do cruzamento entre duas linhagens (♂ porte anão vs ♀ porte normal). Com isto, o uso de genes responsáveis pelo fenótipo anão, tem sido um método bastante empregado nos programas de melhoramento genético, a fim de tornar as plantas mais eretas, proporcionando um crescimento mais compacto às plantas e assim, resultando em um maior número de pencas por planta.

Dado isto, a caracterização e análise da dissimilaridade genética entre as populações são essenciais para distinguir genótipos mais divergentes e promissores (Maciel *et al.*, 2018). O uso do dendrograma para a formação de agrupamentos com base nas mudanças significativas das variáveis através da correlação entre os caracteres avaliados, trata-se de um método amplamente utilizado dentro dos programas de melhoramento, pois permite que apenas progênies similares

componha cada agrupamento. Porém, o uso de novas técnicas vem sendo bastante promissor para o melhoramento genético do tomateiro. Oliveira (2023), cita que as redes neurais artificiais (RNAs) têm sido bastante utilizadas para obtenção de mapas auto-organizados (SOMs), sendo uma alternativa no estudo da dissimilaridade genética em tomateiro anão do tipo saladete.

O objetivo do trabalho foi utilizar análise multivariada e técnicas de redes neurais artificiais para caracterização de germoplasma de tomateiro híbrido proveniente de parental masculino anão.

2. REFERENCIAL TEÓRICO

2.1. ASPECTOS GERAIS

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é uma planta herbácea pertencente à família Solanaceae, originária da América do Sul, mais precisamente na Cordilheira dos Andes, entre o Equador e o Chile, tendo este como seu principal centro de diversidade, mas o México também é considerado como outro possível centro de diversidade (Clemente e Boiteux, 2012). Apresenta haste flexível sendo incapaz de suportar o peso dos frutos para manter-se na posição ereta, no entanto, existem tomateiros de fenótipo anão que possibilitam a permanência da planta ereta por mais tempo (Seus, 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).

É um fruto largamente produzido em mais de 175 países no mundo, sendo que em 2022, a produção mundial de tomate foi de 186,107 milhões de toneladas, enquanto a produção brasileira de tomate foi de aproximadamente 3,81 milhões de toneladas (FAO, 2022).

Na América, a Califórnia é um estado que se destaca pela alta produtividade (104 ton ha⁻¹) além do alto teor de sólidos solúveis totais (SST) (5,3° Brix), fator de fundamental importância para o rendimento do tomate na indústria. O aumento de um grau Brix na matéria prima há um incremento de 20% no rendimento industrial, portanto, fazendo da Califórnia uma

forte concorrente da produção de pasta de tomate. O Chile também se destaca pela alta produtividade (97 ton ha⁻¹) e alto teor de SST (5,0° Brix). O Brasil possui produtividade comparável aos grandes produtores de tomate para processamento (80 ton ha⁻¹), no entanto, o teor de SST do tomate brasileiro é de 4,5° Brix, abaixo de países como China (4,7° Brix), Itália e Espanha (4,8° Brix) (Rangel, 2011).

2.2. MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO

Sabe-se que, a manifestação fenotípica de qualquer gene do tomateiro pode ser afetada pela ação de outros genes e pela interação com o ambiente. Muitos genes que governam características de herança simples têm sido utilizados no melhoramento e uma grande maioria deles foi incorporada, explorando de maneira muito eficiente a biodiversidade disponível (De Cássia Pereira-Carvalho, 2014).

Apesar da grande popularidade da cultura, o tomateiro cultivado em campo é considerado de alto risco financeiro. Pois apresenta elevado custo de produção, associado à alta suscetibilidade a estresses bióticos e abióticos (Deleo *et al.*, 2016). Machado *et al.* (2023), afirma que diante disto, a busca por maiores produtividades tem sido meta essencial em programas de melhoramento.

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). Porém, Piotto e Peres (2012), obtiveram plantas com hábito de crescimento determinado através de uma mutação espontânea deste gene (homozigose recessiva do alelo sp). Além do mais, 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* conferiu formato oval aos frutos, favorecendo a colheita e processamento destes frutos pela colhedora.

Contudo, a disponibilização dos recursos genéticos para os melhoristas passa, necessariamente, pela caracterização e avaliação agrônômica, fitopatológica e entomológica dos acessos registrados nos bancos de germoplasma (Valois *et al.*, 1998). Assim, os programas de melhoramento de tomateiro buscam atualmente 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).

2.3. TOMATEIRO ANÃO

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). Em tomateiros são conhecidos pelo menos 19 genes que determinam o fenótipo anão. Esses genes, caracterizam-se principalmente pelo encurtamento do entrenó, mas também podem alterar caracteres morfológicos da planta, como variações no número de ramificações e coloração, tamanho e rugosidade das folhas (TGRC, 2015).

Com relação ao desenvolvimento vegetativo e hábito de crescimento, o gene *d* (Dwarf), que condiciona plantas de crescimento do tipo anão, pode assumir grande importância no desenvolvimento de cultivares modernas de tomateiro. Pesquisadores têm utilizado cultivares miniatura, porém de frutos redondos, denominada Mini-Tom (MT), como modelo genético para estudos básicos, genéticos e fisiológicos (Wang *et al.*, 2005; Watanabe *et al.*, 2007; Silva *et al.*, 2011; Monteiro *et al.*, 2012; Pérez; Ahmed, Cabezas, 2013).

Farias *et al.* (2024), afirma que quando se trata da herança do porte anão, uma característica estudada na linhagem UFU MC TOM 1 (genitor doador dos híbridos obtidos), os pesquisadores descobriram que ela segue um padrão monogênico recessivo. O que significa que a característica de porte anão é determinada por um único gene, e esse gene precisa ser herdado de ambos os pais para que o porte anão seja expresso. Essa herança recessiva permite a obtenção de híbridos de porte normal, caso um dos pais doe o gene de porte normal.

Diante disto então, 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). Dado que a redução do internódio em tomateiro, promove o aumento do número de pencas, elevando, portanto, a produtividade. Pesquisas recentes comprovaram que é possível a obtenção de híbridos de tomateiro com internódio curto via melhoramento genético a partir da utilização de um parental masculino de porte anão (Finzi *et al.*, 2020; Pereira *et al.*, 2024).

2.4. POTENCIAL HÍBRIDO E HETEROSE

A literatura registra que o tomateiro apresenta uma grande expressão de heterose (vigor de híbrido) para algumas características tais como: índice de colheita (produção de frutos/biomassa total), número de sementes por planta, número de frutos, precocidade e produção total (Semel *et al.*, 2006).

A heterose, ou vigor híbrido, refere-se à superioridade de desempenho do híbrido em relação a seus parentais, sendo que, quanto mais contrastantes são os parentais, maior o potencial heterótico proporcionado ao híbrido. Nesse sentido, híbridos obtidos de parentais contrastantes quanto ao hábito de crescimento (determinado versus indeterminado) têm demonstrado incrementos em produtividade no tomateiro (Nizio *et al.*, 2008; Andrade *et al.*, 2014).

Assim como fitomelhoristas têm explorado o potencial heterótico proporcionado por parentais contrastantes quanto ao hábito de crescimento em tomateiro, uma estratégia interessante seria a hibridação de linhagens homozigotas anãs com linhagens normais (determinado, semideterminado e indeterminado), especialmente, devido à divergência entre esses parentais (anão *versus* normal) (Maciel *et al.*, 2015).

2.5. CARACTERIZAÇÃO DE BANCOS DE GERMOPLASMA: ANÁLISE MULTIVARIADA E REDES NEURAIS ARTIFICIAIS

Técnicas multivariadas são análises biométricas utilizadas para estimar medidas de dissimilaridade, para obter gráficos de dispersão que possibilitam a avaliação da diversidade genética, estabelecer grupos de indivíduos com mesmo padrão de similaridade e identificar quais características mais contribuem para a diversidade genética dos materiais (Cruz, 2006). Com isto, 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).

Os métodos de análise multivariada podem ser divididos em dois grupos principais. Sendo o primeiro grupo, consistido 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). Se tratando das análises de agrupamentos, faz-se o uso do dendrograma, um método hierárquico, para a formação de agrupamentos que se baseiam numa distância. Sendo dos métodos existentes, um dos mais frequentemente utilizados.

No entanto, para facilitar a seleção dos genótipos no melhoramento genético o uso de técnicas com algoritmos vem sendo bastante utilizadas e uma delas, são as Redes Neurais Artificiais (RNA's). Haykin (2008), apresenta que esta é uma metodologia que visa utilizar a inteligência computacional e o processamento dos dados de forma a simular o cérebro humano, o qual acumula conhecimento experimental e o torna disponível para uso de classificações, reconhecimento de padrões e estabelecimento de agrupamentos.

Uma das classes de RNA's são os Mapas Auto-Organizáveis de Kohonen, o qual possibilita detectar dissimilaridades e reconhecer padrões, para assim, processar os agrupamentos e organizar os dados (CRUZ, 2018). Desta maneira, o uso das RNA's possui vantagens quando comparada aos métodos convencionais, pois usam métodos não paramétricos e conseguem analisar dados desbalanceados com erros experimentais e falhas de pressuposições (CRUZ, 2018; NASCIMENTO, 2013).

3. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido no período de março a agosto de 2023, na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Campus Monte Carmelo, Minas Gerais (18°42'43,19" S, 47°29'55,8" W e altitude de 873 m) e no Laboratório de Recursos Genéticos (LAGEN) da UFU, campus Monte Carmelo. O cultivo das plantas foi realizado em casa de vegetação do tipo arco (7 x 21 m), com pé direito de 4 metros, revestida

por uma película de polietileno transparente de 150 micra, contendo aditivos contra raios ultravioletas e com cortinas laterais de tela branca para prevenção contra afídeos.

Inicialmente foi realizado uma hibridação utilizando genótipos que compõem o banco de germoplasma do Programa de Melhoramento Genético do Tomateiro da UFU, campus Monte Carmelo, e são provenientes do cruzamento entre uma linhagem anã versus uma linhagem pré-comercial do tipo saladete. As linhagens utilizadas como parentais feminino ♀, são linhagens de porte normal (gene dwarfDD), que apresentam boas características agronômicas e frutos do tipo Saladete (genitor recorrente). E como parental masculino ♂, foram utilizados os genitores doadores de porte anão e ricos em acilaçúcares nos folíolos. Sendo os híbridos: Híbrido T1 (UFU-T12r1#2/SD x UFU-10-4-5-1-2); Híbrido T2 (Rio Grande x UFU-10-4-5-6-2); Híbrido T3 (Rio Grande x UFU-10-4-5-1-2); Híbrido T4 (UFU-T12r1#2/SD x UFU-10-4-5-6-2).

De posse das sementes F₁, foi realizado a semeadura no dia 3 de março de 2023, em bandejas de poliestireno de 200 células e preenchidas com substrato comercial à base de fibra de coco. Após 21 dias da semeadura foi realizado o transplântio das mudas para a casa de vegetação. O delineamento utilizado para a disposição do experimento foi em blocos casualizados e contou com três repetições. As parcelas experimentais foram compostas por sete plantas cada, totalizando 189 plantas. O espaçamento entre plantas adotado foi de 0,25 m. Foram avaliadas cinco linhagens arranjadas em nove tratamentos, sendo as linhagens: UFU-T12r1#2/SD (Mãe 1); Rio Grande (Mãe 2); UFU-10-4-5-1-2 (Pai 3); UFU-10-4-5-6-2 (Pai 4); Santa Clara. E os respectivos tratamentos: T1 (Mãe 1 x Pai 3); T2 (Mãe 2 x Pai 4); T3 (Mãe 2 x Pai 3); T4 (Mãe 1 x Pai 4); T5 (autofecundação planta 2 – Pai 3); T6 (autofecundação planta 2 – Pai 4); T7 (autofecundação Mãe 2); T8 (autofecundação Mãe 1); T9 (Santa Clara). Ao longo do ciclo da cultura, todos os tratamentos culturais foram realizados conforme o recomendado para o cultivo do tomateiro em casa de vegetação (Alvarenga *et al.*, 2013).

Foram realizadas sete colheitas no total, sendo organizadas semanalmente a partir do mês de junho. As variáveis respostas, sendo estas as características dos frutos, foram analisadas em cada colheita e ao final, foram calculadas as médias dos valores obtidos. As avaliações foram realizadas com base em: diâmetro transversal e diâmetro longitudinal (cm) (FF), espessura de polpa (cm) (EP), nº de lóculos (NL) e teor de acilaçúcares (nmol cm⁻² de área foliar) (ACIL).

Em um trabalho similar realizado por Peres (2019), ficou esclarecido que o diâmetro transversal do fruto (cm) é a distância entre o pedúnculo e a região estilar, medido com uma régua graduada em milímetros após o corte vertical do fruto. Enquanto, o diâmetro transversal é também definido como a distância horizontal entre as extremidades do fruto, sendo essa medida realizada na região central, igualmente com uma régua graduada em milímetros, após o corte vertical. O índice de formato do fruto é calculado pela razão entre o diâmetro transversal e o diâmetro longitudinal. A espessura da polpa (cm) é medida a partir da superfície externa do fruto até o início do lóculo, sendo também avaliada na região central com uma régua graduada em milímetros. O número de lóculos é contado após um corte horizontal nos frutos, permitindo uma observação clara dessa característica.

Por fim, o teor de acilaçúcares (nmols/cm² de área foliar) foi avaliado aos 62 dias após a semeadura (DAS), com base em uma amostra de 4,2 cm² composta por oito discos foliares de cada planta da parcela. Os discos foram coletados dos folíolos do terço superior das plantas e armazenados em tubos de ensaio. A extração e quantificação do aleloquímico acilaçúcar foram realizadas de acordo com o método estabelecido por Resende *et al.* (2002) e adaptado por Maciel e Silva (2014).

3.1. ANÁLISE ESTATÍSTICA

O processo de interpretação foi iniciado com uma análise de correlação dos caracteres, pois é fundamental compreender a influência de cada característica sobre as outras. O estudo das correlações entre as variáveis analisadas foi submetido a 5% de significância com base no coeficiente de correlação de Pearson.

A análise multivariada foi realizada no software R, utilizando o método hierárquico Unweighted Pair Group Method using Arithmetic averages (UPGMA) e representada a partir de um mapa de calor. Dos métodos de agrupamento, os métodos hierárquicos de ligações médias (UPGMA) e o otimizado são os mais utilizados. Pois o método hierárquico permite uma visão bidimensional da similaridade, calculando a soma de quadrado entre dois agrupamentos gerando um dendrograma. Além disso, baseiam-se na participação dos genótipos em subgrupos não vazios mutualmente exclusivos (Cruz; Regazzi; Caneiro, 2014).

Por meio da inteligência computacional realizou-se a análise discriminante e o Mapa Auto-Organizável de Kohonen (SOM) utilizando as Redes Neurais Artificiais (RNA's). A arquitetura da SOM é do tipo *feedforward* com uma camada de entrada e uma de saída, denominada mapa topológico sendo dividido em três etapas (Cruz; Nascimento, 2018). Para a definição do mapa topológico e estabelecimento dos pesos aleatórios, foram testados diferentes arranjos de neurônios – 2x2, 3x3, 1x2 e 2x3 – sendo escolhido para a formação da SOM três neurônios em três dimensões (3x3). Para o processo de aprendizagem foram utilizadas 1000 interações, com raio igual a um e topologia hexagonal. Após a obtenção dos tratamentos em cada neurônio e sua distância dos neurônios vizinhos, eles foram agrupados hierarquicamente pelo método UPGMA.

A Figura 1, esquematiza o formato da RNA utilizada no trabalho, apresentando um esquema de rede com uma única camada de rede neural. As variáveis Z_m são funções de somas ponderadas das variáveis de entrada X_i , ou também dizendo, $Z_m = \gamma (\alpha_{0m} + \alpha_m^T X)$, $m = 1, 2, \dots, M$, e as saídas, Y_k , são modeladas como funções destas combinações. Com isto, $T_k = \beta_{0k} + \beta_m^T Z$, $k = 1, 2, \dots, K$, $Y_k = f_k(X) = g_k(T)$, $k = 1, 2, \dots, K$, em que $Z = (Z_1, Z_2, \dots, Z_M)$ e $T = (T_1, T_2, \dots, T_k)$. A função de ativação, sigmoide, $\gamma(v)$, é dada por: $\gamma(v) = 1 / (1 + e^{-v})$ (Teodoro *et al.*, 2015).

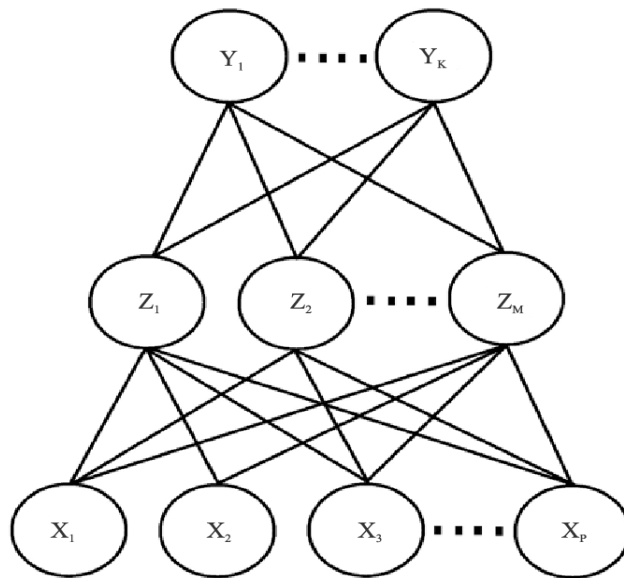


Figura 1. Esquema da única camada oculta da rede neural.

A função de saída, $g_k(T)$, propicia uma transformação final do vetor de saídas T . Em estudos de regressão, a função $g_k(T)$ é definida como a identidade, ou seja, $g_k(T) = T$. Porém, quando a rede é utilizada para classificação, tem-se: $g_k(T) = e^{T_k} / \sum_{l=1}^k e^{T_l}$ (Haykin, 2009).

As análises foram realizadas utilizando o software GENES, integrado aos pacotes de software Matlab e R. O pacote Kohonen foi utilizado para gerar o SOM no software R.

4. RESULTADOS E DISCUSSÕES

Para otimização do melhoramento é importante avaliar vários caracteres ao mesmo tempo, para maximizar o tempo e recursos. Conhecer a relação entre os caracteres avaliados é um meio de selecionar uma entre várias características, principalmente, se esta for de difícil avaliação ou baixa herdabilidade (Azevedo *et al.*, 2016). Nogueira e Souza (2011; 2013), retratam em seus estudos que quando duas características apresentam uma correlação positiva, é possível obter benefícios em uma delas por meio da seleção indireta da outra. As correlações são expressas por coeficientes adimensionais que variam de 1 a -1. Um valor próximo a zero indica a ausência de uma relação linear entre as duas variáveis, mas não significa que não haja correlação. Ademais, valores negativos sugerem que as características estão inversamente correlacionadas, enquanto valores positivos indicam que elas se correlacionam de forma direta. E coeficientes próximos aos extremos de 1 ou -1, indicam uma forte associação entre as características.

A partir das variáveis analisadas, as estimativas de correlações genotípicas obtidas variaram entre -1 e 1, conforme apresenta a Figura 2.

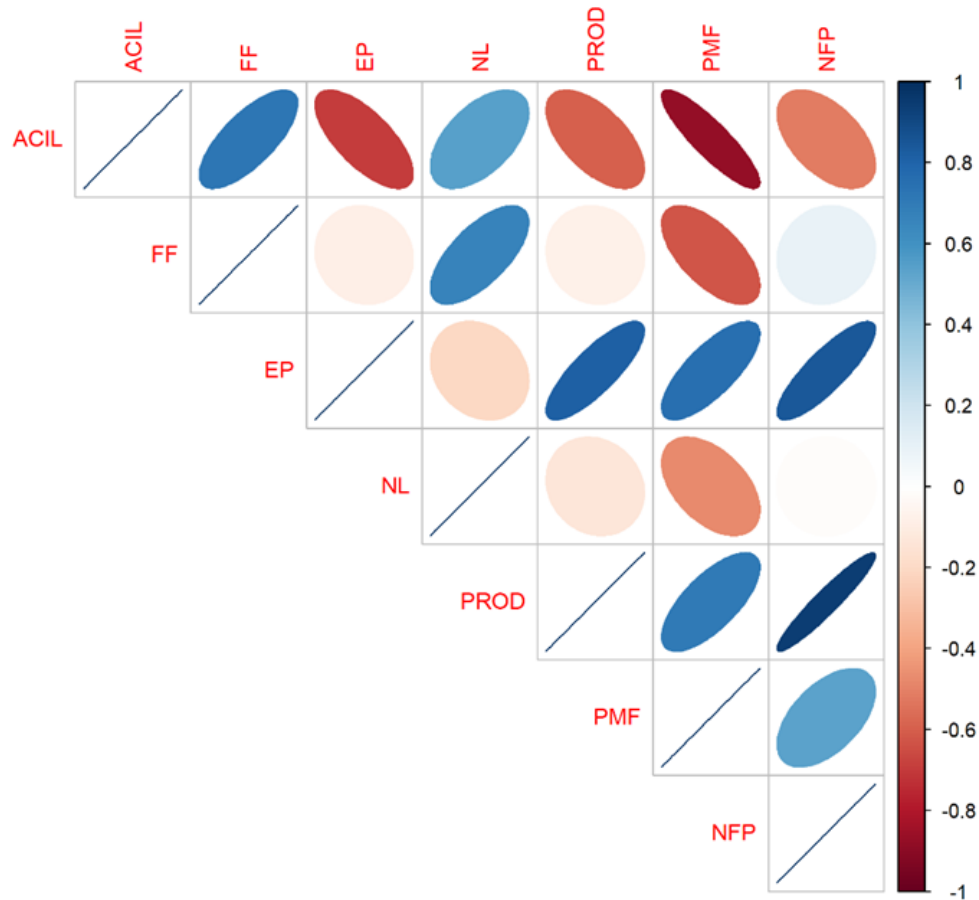


Figura 2. Gráfico de correlação para as características relacionadas à ACIL: teor de acilaçúcares, nmol cm^{-2} de área foliar; FF: formato de fruto, EP: espessura da polpa, cm; NL: número de lóculos; PROD: produtividade, toneladas por hectare; PMF: peso médio de fruto, gramas e NFP: número de frutos por planta. Correlações positivas são exibidas em tons de azul e correlação negativas expressas em tons de vermelho à 5% pelo coeficiente de correlação de Pearson.

Foi encontrado maior estimativa de correlação genotípica positiva entre o caractere espessura de polpa (EP) para os caracteres de produtividade (PROD), peso médio de frutos (PMF) e número de frutos por planta (NFP), sendo estas estimativas superiores a 0,600. Desta forma, podemos inferir que frutos com maiores espessuras de polpas (cm) (EP) interferem na quantidade de frutos por planta produzidos (NFP) e no peso médio destes frutos (PMF), o que é um indicador crucial da qualidade e da viabilidade comercial do fruto do tomate, além de aumentar a produtividade final das plantas (PROD).

Foram encontradas altas estimativas entre a característica teor de acilaçúcares (ACIL) para o formato de frutos (FF) e o número de lóculos (NL). Em relação ao formato do fruto, o tomate é classificado em dois grupos: oblongo, quando o diâmetro longitudinal é maior que o transversal e redondo, quando o diâmetro longitudinal é menor ou igual ao transversal (Brasil, 1995; Brasil, 2002). Desta forma então, esta correlação pode estar associada ao formato

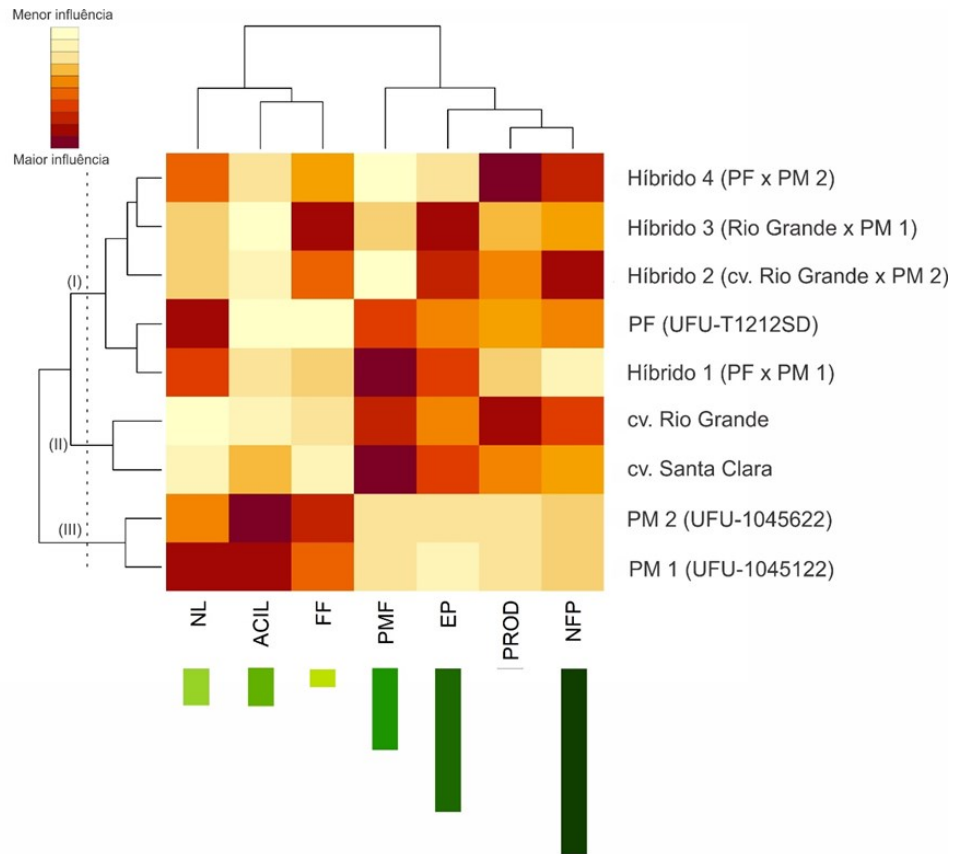
alongado de fruto. Dado que todos os genitores, sendo doador ou recorrente, pertencem aos segmentos de minitomate e saladete, e manifestam frutos alongados, característica recessiva de herança monogênica (Maciel, Silva, 2008).

E de maneira inversamente correlacionada, temos que a característica teor de açúcares (ACIL) não apresenta relação direta com a espessura de polpa (EP), peso médio de frutos (PMF), número de frutos por planta (NFP), bem como com a produtividade das plantas (PROD). Além disso, há uma correlação negativa baixa para os caracteres formato de fruto (FF), espessura de polpa (EP), número de lóculos (NL) e produtividade (PROD).

Foi encontrado uma única correlação zero entre os caracteres analisados, sendo eles, o número de lóculos (NL) e o número de frutos por planta (NFP). Azevedo (2016), apresenta que estimativas de correlação genética próximas de zero são indicativas da independência entre as características e, portanto, a seleção para uma característica não afeta o desempenho das demais.

A dissimilaridade refere-se a variedade entre as espécies e os indivíduos, resultante da expressão genética, concomitantemente as variações ambientais. Nos programas de melhoramento é importante que haja divergência genética entre os genitores. A mensuração dessa dissimilaridade é realizada através de parâmetros que proporcionam ao melhorista antever combinações superiores e com maior efeito heterótico (Ramalho *et al.*, 2012).

As validações dos agrupamentos gerados no dendrograma UPGMA a seguir, foram determinadas pelo coeficiente de correlação cofenético (CCC), sendo acima de 70% (Figura 3). A intensidade das cores significa uma maior influência da variável sob tratamento em questão.



Contribuição relativa - Singh (1981)

Figura 3. Dendrograma representativo da dissimilaridade genética entre as testemunhas, parentais e híbridos de tomateiro, obtido pelo método UPGMA. ACIL: teor de acilacúcares, nmol cm^{-2} de área foliar; FF: formato de fruto, EP: espessura da polpa, cm; NL: número de lóculos; PROD: produtividade, toneladas por hectare; PMF: peso médio de fruto, gramas e NFP: número de frutos por planta. PF: parental feminino; PM: Parental masculino. Valores de contribuição relativa em porcentagem: ACIL: 7.62%; FF: 3.50%; EP: 28.40%; NL: 7.21%; PROD: 0.00%; PMF: 16.24%; NFP: 37.03%.

Como observado no mapa de calor apresentado na Figura 3, pode-se afirmar que existe uma similaridade genética entre os híbridos, bem como a influência de cada caractere sobre eles.

Quando examinamos as variáveis isoladamente, constatamos que, o NFP, apresentou maior influência sobre os híbridos 2 e 4 em comparação aos híbridos 1 e 3. No que diz respeito à produtividade, o híbrido 4 apresentou desempenhos superiores a todos os demais. Quanto ao formato do fruto, os híbridos 2, 3 e 4 mostraram-se mais semelhantes aos parentais masculinos anão (PM 1 e 2). O PMF apresentou influência similar para o Híbrido 1 e a cultivar Santa Clara.

Por outro lado, ao considerar a linha de corte do dendrograma pelo método hierárquico UPGMA, onde nota-se a maior mudança abrupta no dendrograma, observamos a formação de três grupos de dissimilaridade genética. Sendo o grupo I, composto pelos híbridos 1, 2, 3 e 4, e

a parental feminina UFU-T1212SD; o grupo II composto pelas cultivares Rio Grande e Santa Clara e o grupo III, composto pelos parentais masculinos anão UFU-1045622 e UFU-1045122. O que indica que a maioria das características genéticas dos híbridos são similares à do parental feminino UFU-T1212SD. Porém, na representação de dissimilaridade, este resultado é esperado. Visto que, para caracteres agrônômicos, os parentais masculinos utilizados são linhagens contrastantes das parentais femininas.

Ao observar a contribuição relativa de cada caractere nas barras de coloração verde, pode-se notar que o NFP foi a variável que mais influenciou a dissimilaridade genética dos indivíduos analisados, seguido pela espessura de polpa (EP). Contribuindo em porcentagem com 37,03% e 28,40%, respectivamente. E a variável que menos contribuiu para a dissimilaridade genética foi a produtividade final dos frutos (PROD), com 0,00%.

Desta maneira, para mensurar a dissimilaridade genética deste banco de germoplasma, se faz necessário observar as três variáveis que mais contribuíram relativamente, sendo o NFP, a EP e o PMF. Enquanto as demais variáveis, obtiveram baixa ou nenhuma influência sobre a dissimilaridade dos indivíduos. Assim, pode-se afirmar que o estudo do comportamento dos genótipos nos ambientes é de vital importância, pois afeta diretamente a manifestação fenotípica dos genótipos, através da interação genótipos x ambientes (GxA) (Cruz; Regazzi, Carneiro, 2014).

Portanto, para suprir as limitações encontradas no método convencional, o uso da inteligência computacional é uma opção, pois trata-se de um método que apresenta desempenho superior (BRAGA *et al.*, 2000). Haykin (2009) e Nascimento *et al.* (2013), apresentaram em seus trabalhos, que as redes neurais artificiais se assemelham a uma rede de neurônios biológicos que processam muitos dados, sendo capazes de reconhecer padrões com habilidade de autoaprendizagem, simulando dados em um treinamento e uma validação da rede neural artificial (RNA), permitindo a estimativa de uma ampla gama de genótipos com base nas classes predefinidas.

Pelo método de análise de agrupamento utilizando as RNA's, formaram-se dois grupos há mais do que o agrupamento pelo método UPGMA (Figura 4). Sendo possível assim, confirmar a superioridade na formação dos grupos em relação ao método convencional. Na Figura 4, pode-se então observar as variáveis e sua magnitude de influência na ativação de cada neurônio da SOM.

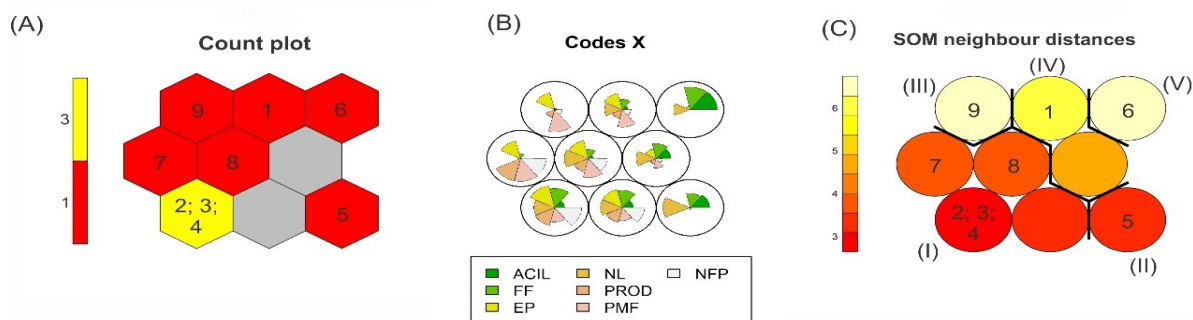


Figura 4. (A): Classificação dos tratamentos em função do número de neurônios. (B): Representação dos neurônios e a magnitude de influência das variáveis. (C): Distâncias dos vizinhos mais próximos e clusterização dos neurônios com base no método UPGMA em função das distâncias. ACIL: teor de açúcares, nmol cm^{-2} de área foliar; FF: formato de fruto, EP: espessura da polpa, cm; NL: número de lóculos; PROD: produtividade, toneladas por hectare; PMF: peso médio de fruto, gramas e NFP: número de frutos por planta. I, II, III, IV e V: clusters obtidos após o agrupamento dos tratamentos. PM: Parental masculino; PF: Parental feminino; 1: Híbrido 1 (PF x PM 1); 2: Híbrido 2 (cv. Rio Grande x PM 2); 3: Híbrido 3 (Rio Grande x PM 1); 4: Híbrido 4 (PF x PM 2); 5: Parental masculino 1 (UFU-1045122); 6: Parental masculino 2 (UFU-1045622); 7: cv. Rio Grande; 8: Parental feminino (UFU-T1212SD); 9: cv. Santa Clara.

O Mapa Auto-Organizáveis de Kohonen (SOM) ao utilizar as RNA's consegue detectar padrões e organizá-los pelo aprendizado competitivo, que simula as conexões de neurônios e córtex cerebral por proximidades (BRAGA, 2011. CRUZ; NASCIMENTO, 2018).

Assim, ao analisar a Figura 4A, podemos concluir que cada neurônio foi responsável pela formação de um grupo diferente. Os híbridos 2, 3 e 4 possuem uma maior semelhança quando avaliados em relação ao número de neurônios, sendo estes agrupados em um mesmo grupo, o neurônio I. Os demais tratamentos, estão agrupados de maneira isolada em cada neurônio. Pode-se notar que apenas dois neurônios, o II e o VI, não agruparam nenhum tratamento, sendo representados pela coloração cinza. Desta forma, temos: neurônio III agrupou o tratamento 5, o neurônio IV agrupou o tratamento 7, o neurônio V agrupou o tratamento 8, o neurônio VII agrupou o tratamento 9, o neurônio VIII agrupou o tratamento 1 e o neurônio IX agrupou o tratamento 6.

A representação 4B, apresenta a influência de cada caractere em cada neurônio de agrupamento. Sendo possível notar que os híbridos agrupados no neurônio I, apresentaram uma maior influência do número de frutos por planta (NFP) e da espessura de polpa (EP) quando comparados com as demais variáveis. Para o teor de ACIL, o maior índice foi exibido pelo neurônio IX agrupando o parental masculino ano 2 (UFU-1045622). É possível notar também, que os caracteres que apresentaram menores influências em cada neurônio, foram o PMF e o NFP. Observa-se que os neurônios III e IX, agrupando os tratamentos 5 e 6, respectivamente,

sofreram influência apenas dos caracteres NL, ACIL e FF, confirmando os resultados encontrados no dendrograma acima (Figura 3).

A representação 4C, evidencia que houve a formação de cinco grupos em função das distâncias dos vizinhos mais próximos, sendo estes separados em: grupo I agrupando os neurônios I, II, IV e V e seus respectivos tratamentos; grupo II agrupando o neurônio III; grupo III agrupando o neurônio VII; grupo IV agrupando os neurônios VI e VIII, e por fim, o grupo V agrupando o neurônio IX. Percebe-se que os vizinhos mais próximos dos híbridos 2, 3 e 4 são as parentais femininas 7 e 8, sendo elas: a cultivar Rio Grande e a UFU-T1212SD. Corroborando com os resultados encontrados no dendrograma da Figura 3.

Contudo, estes resultados abrem novos caminhos para pesquisas inovadoras em relação ao potencial uso do parental masculino anão na obtenção de híbridos de tomateiro. Sugere-se a realização de novas combinações híbridas e avaliações dos híbridos obtidos.

5. CONCLUSÃO

Houve coerência no uso dos métodos de agrupamentos utilizados. Sendo os dois métodos eficientes para a formação e visualização dos grupos. Entretanto, apesar do Mapa de Kohonen se mostrar mais criterioso na divisão dos agrupamentos, formando dois grupos há mais do que o dendrograma, ele se faz complementar ao mapa de calor.

Por se tratar de uma técnica nova, a utilização das redes neurais vem sendo bastante utilizada nas pesquisas de melhoramento. Porém, para um maior entendimento das variáveis respostas se faz necessário a utilização dos dois métodos.

É importante ressaltar, que os híbridos 2, 3 e 4 foram agrupados em um mesmo neurônio no Mapa de Kohonen, sendo eles influenciados por quase todas as variáveis na formação do grupo. Então, pode-se inferir que estes híbridos foram mais promissores quando comparados com os demais tratamentos.

6. REFERÊNCIAS

- ALVARENGA, M. A. R. Tomate: produção em campo, em casa-de-vegetação e em hidroponia. Lavras: Editora UFLA, 2013. 455 p.
- ALVES, S.M.F.; FERNANDES, P.M.; REIS, E.F. Análise de correspondência como instrumento para descrição do perfil do trabalhador da cultura de tomate de mesa em Goiás. **Ciência Rural**, Santa Maria, v. 39, n. 7, p. 2042-2049, 2009.
- AZEVEDO, A. M.; SEUS, R.; GOMES, C. L.; FREITAS, E. M.; CANDIDO, D. M.; SILVA, D. J. H.; CARNEIRO, P. C. S. **Correlações genotípicas e análise de trilha em famílias de meios-irmãos de couve de folhas**. Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília, DF, v. 51, n.1, p. 35-44, 2016. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2016000100005>
- 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.
- BRAGA, A. P.; CARVALHO, A. P. L. F.; LUMEDIR, T. B. **Redes neurais artificiais: teoria e aplicações**. Rio de Janeiro: LTC, vol. 1, 2000. 250p
- BRASIL. Ministério da Agricultura do Abastecimento e da Reforma Agrária. Portaria no 553 de 30 de agosto de 1995. Dispõe sobre a Norma de Identidade, Qualidade, Acondicionamento e Embalagem do Tomate in natura, para fins de comercialização e Revoga as especificações de Identidade, Qualidade, Acondicionamento e Embalagem do Tomate, estabelecidas pela Portaria no. 76, de 25 de fevereiro de 1975. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Brasília**, set, 1995.
- BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria SARC no 085 de 06 de março de 2002. Propõe o Regulamento técnico de identidade e qualidade para classificação do tomate. **Diário Oficial da República Federativa do Brasil**, Brasília, mar, 2002.
- CLEMENTE, F. M. V. T.; BOITEUX, L. S. **Produção de tomate para processamento industrial**. Brasília: Embrapa, 2012. 344p.
- CONAB. **Comercialização no Mercado Mundial**, Tomate: 2019.
- CRUZ, C.D. Programa Genes: análise multivariada e simulação. Viçosa: Ed. UFV, 2006.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2014.
- CRUZ, C. D.; NASCIMENTO M. **Inteligência computacional aplicada ao melhoramento genético**. Editora Viçosa: UFV, 2018. p 310.
- DE CÁSSIA PEREIRA-CARVALHO, Rita et al. MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO PARA RESISTÊNCIA A DOENÇAS DE ETIOLOGIA VIRAL: AVANÇOS E PERSPECTIVAS.
- DELEO, J. P. B.; BRITO JUNIOR, J. S.; PARANHOS, G. G. Especial tomate: gestão sustentável. Hortifruti Brasil, Piracicaba, v. 15, n. 157, p. 10-23, jun. 2016.

FAO - Food and Agriculture Organization of the United Nations. **Statistical database 2022**. FAO. 2022. Disponível em: <https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL/visualize>. Acesso em: 06 nov. 2024.

FAOSTAT. **Estatísticas da Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação**. 2020. Disponível em: <http://www.fao.org/faostat/en>. Acesso em: 06 out. 2023.

FARIAS, Ana Karoline Silva Rocha de et al. Novos insights sobre o uso de tomateiros anões para resistência a insetos-praga. 2024.

FINZI, R. R.; MACIEL, G. M.; PERES, H. G.; SILVA, M. F. E.; PEIXOTO, J. V. M.; GOMES, D. A. Agronomic potential of BC1F2 dwarf round tomato populations. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 44, p. 1-8, 2020.

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. <https://doi.org/10.1590/1413-70542017411021416>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/cagro/a/WzcCCjqPyrxY6ysVrBS4XXQ/?lang=en>. Acesso em: 06 out. 2023.

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>.

HAYKIN, S. **Neural Networks and Learning Machines** (3rd ed). Hamilton: Pearson – Prentice Hall, 2008.

HAYKIN, S. **Neural networks and learning machines**. 3rd ed. New York: Prentice Hall, 2009. 936p.

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, dez. 2015.

MACHADO, Tardele Gomes et al. Recuperação do genitor recorrente após dois retrocruzamentos em tomateiro anão do tipo Santa Cruz. 2023.

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.

NASCIMENTO, M.; PETERNELLI, L. A.; CRUZ, C. D.; NASCIMENTO, A. C. C.; FERREIRA, R. D. P.; BHERING, L. L.; SALGADO, C. C. Artificial neural networks for adaptability and stability evaluation in alfalfa genotypes. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa - MG - Brasil, v. 13, n. 2, p. 152-156, 2013.

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.

NIZIO, D. A. C.; MALUF, W. R.; FIGUEIRA, A. R.; NOGUEIRA, D. W.; SILVA, V. F.; NETO, A. C. G. Caracterização de genótipos de tomateiro resistentes a begomovírus por marcador

molecular co-dominante ligado ao gene Ty-1. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 43, n. 12, p. 1699-1705, dec. 2008.

NOGUEIRA, A. P. O. **Correlações, análise de trilha e diversidade fenotípica e molecular em soja**. Tese (Doutorado), pela Universidade Federal de Viçosa, Viçosa-MG, Brasil, 2011.

OLIVEIRA, C. S. D. (2023). Obtenção e seleção de populações de tomateiro anão do tipo saladete para o desenvolvimento de linhas de introgressão.

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>.

RANGEL, R. **Análise econômica da cultura do tomate industrial: a visão do produtor e da indústria**. In: Congresso Brasileiro de Tomate Industrial, 5, 2011, Goiânia. Palestras... Goiânia, Agrodefesa/FAEG/UFG/Embrapa Hortaliças/ABH. 2011.

RAMALHO, M. A. P.; ABREU, A. D. F.; SANTOS, J. D.; NUNES, J. A. R. **Aplicações da genética quantitativa no melhoramento de plantas autógamas**. Lavras: Ed. UFLA, 2012. 522 p

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>.

ROCHA, A.A. **Monitoramento de agrotóxicos em áreas irrigadas por pivô central na microbacia do Tijunheiro, município de Morrinhos Goiás**. São Paulo-SP: Universidade de São Paulo, 2011. 145p. Tese (Doutorado em Química na Agricultura e no Ambiente), Universidade de São Paulo.

SEMEL, Y., NISSENBAUM, J., MENDA, N., ZINDER, M., KRIEGER, U., ISSMAN, N., PLEBAN, T., LIPPMAN, Z., GUR, A. & ZAMIR, D. 2006. Overdominant quantitative trait loci for yield and fitness in tomato. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103, 12981-12986.

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.

SOUSA, L. B. **Diversidade fenotípica e molecular, correlações entre caracteres, adaptabilidade e estabilidade de genótipos de soja**. Tese (Doutorado), pela Universidade Federal de Uberlândia, Uberlândia-MG, Brasil, 2013.

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.

TEODORO, Paulo Eduardo et al. Redes neurais artificiais para identificar genótipos de feijão-caupi semiprostrado com alta adaptabilidade e estabilidade fenotípicas. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 50, n. 11, p. 1054-1060, 2015.

TOMATO GENETICS RESOURCE CENTER: TGRC, 2015. California, Estados Unidos. Disponível em: <https://tgrc.ucdavis.edu/Data/Acc/dataframe.aspx?start=GenSearch.aspx&navstart=nav.html&start=GenStart.aspx.&navstart=nav.html>. Acesso: 11/11/2023.

VALOIS, A.C.C. **Genética aplicada a recursos fitogenéticos**. Brasília: UNEB, 1998. 318p.

WANG, H. et al. The tomato Aux/IAA transcription factor IAA9 is involved in fruit development and leaf morphogenesis. **Plant Cell**, Rockville, v. 17, n. 10, p. 2676-2692, 2005.