

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA

MARCOS PAULO DO CARMO MARTINS

TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA DETERMINAÇÃO DA DISSIMILARIDADE  
GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES ANÃS DE TOMATEIRO DO TIPO SALADETE

Monte Carmelo – MG

2020

UNIVERSIDADE FEDERAL DE UBERLÂNDIA  
MARCOS PAULO DO CARMO MARTINS

TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA DETERMINAÇÃO DA DISSIMILARIDADE  
GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES ANÃS DE TOMATEIRO DO TIPO SALADETE

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

Orientador: Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas  
Maciel

Monte Carmelo – MG

2020

MARCOS PAULO DO CARMO MARTINS

TÉCNICAS MULTIVARIADAS NA DETERMINAÇÃO DA DISSIMILARIDADE  
GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES ANÃS DE TOMATEIRO DO TIPO SALADETE

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, 05 de agosto de 2020

Banca Examinadora

---

Prof. Dr. Gabriel Mascarenhas Maciel

Orientador

---

Me. Camila Soares de Oliveira

Membro da Banca

---

Me. Rafael Resende Finzi

Membro da Banca

Monte Carmelo

2020

## **AGRADECIMENTOS**

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

A minha família – Ana Carolina, Pedro Augusto, João Lucas e Luiz Gustavo – que são o norte e a razão para seguir em frente.

Aos meus pais que não mediram esforços para proporcionarem a melhor formação pedagógica para seus filhos.

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

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

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

Ao José Marques (Seu Zé da horta) que sempre está a postos e com um sorriso no rosto executando as atividades de tratos culturais diárias na Estação Experimental de Hortaliças da UFU, campus Monte Carmelo.

Aos professores e técnicos da UFU, Campus Monte Carmelo que representam o capital humano desta instituição amplamente reconhecida pela sua qualidade no ensino superior.

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

## SUMÁRIO

|                                             |    |
|---------------------------------------------|----|
| RESUMO.....                                 | 5  |
| 1 INTRODUÇÃO.....                           | 6  |
| 2 OBJETIVO.....                             | 7  |
| 3 REFERENCIAL TEÓRICO.....                  | 8  |
| 3.1 ASPECTOS GERAIS.....                    | 8  |
| 3.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO..... | 8  |
| 3.3 TÉCNICAS DE ANÁLISE MULTIVARIADA.....   | 9  |
| 4 MATERIAL E MÉTODOS.....                   | 10 |
| 5 RESULTADO E DISCUSSÃO.....                | 13 |
| 6 CONCLUSÃO.....                            | 18 |
| REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....             | 18 |

## RESUMO

Apesar de todo o potencial cosmopolita e importante aspecto socioeconômico, o cultivo do tomateiro necessita de alto investimento. Híbridos de tomateiro capazes de produzir maior número de pencas na mesma planta podem significar aumento da produtividade e do lucro. Os genótipos utilizados no experimento fazem parte do Programa de Melhoramento Genético do Tomateiro da UFU, campus Monte Carmelo, e são provenientes da hibridação entre uma linhagem anã do tipo minitomate *versus* linhagem pré-comercial do tipo saladete. No entanto, por se tratar de um germoplasma novo, ainda carece de informações a respeito da dissimilaridade genética. Assim, o objetivo deste trabalho foi avaliar a dissimilaridade genética entre genótipos de porte normal e populações anãs de tomateiro do tipo saladete por diferentes técnicas de análise multivariada. O experimento foi constituído por dez populações  $F_2RC_1$  anãs previamente selecionadas, genitor doador, genitor recorrente e uma cultivar comercial, totalizando treze tratamentos. O germoplasma foi caracterizado com base em características agronômicas, de qualidade de frutos e resistência a pragas. A matriz de dissimilaridade foi obtida pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ) e a diversidade genética representada pelos métodos hierárquicos UPGMA, do vizinho mais próximo e WPGMA, além dos métodos de otimização de Tocher e variáveis canônicas. As validações dos agrupamentos foram determinadas pelo coeficiente de correlação cofenética. Entre as técnicas de análises multivariadas utilizadas os métodos hierárquicos (UPGMA, WPGMA e vizinho mais próximo) foram mais eficientes ao afirmarem a dissimilaridade genética entre os genótipos. O método hierárquico WPGMA possibilitou a separação dos genótipos em quatro grupos, inserindo as populações  $F_2RC_1$  em um único grupo, segregando do genitor doador.

## PALAVRAS-CHAVE:

*Solanum lycopersicum* L., internódio curto, heterose, número de pencas por haste, genes de nanismo.

## 1 INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma hortaliça de grande importância econômica e social no mundo (HEINE et al., 2015). O Brasil está entre os dez maiores produtores mundiais de tomate com produção de 4,3 milhões de toneladas cultivados em uma área superior a 70 mil hectares e produtividade média acima de 60 ton ha<sup>-1</sup>. A região sudeste é responsável por 44% da produção, centro-oeste 31%, nordeste 14%, sul 11% e norte 0,12% (AGRIANUAL, 2015). O valor do mercado de sementes das cultivares comerciais é superior a R\$ 130 milhões (ABCSEM, 2016). Apesar de todo o potencial cosmopolita e importante aspecto socioeconômico, o cultivo do tomateiro necessita de alto investimento por hectare aliado a um alto risco (ALVARENGA, 2013).

Híbridos de tomateiro capazes de produzir maior número de pencas na mesma planta podem significar aumento da produtividade no mesmo espaço e aumentar o lucro por planta, atendendo uma urgente exigência do produtor em relação as cultivares comerciais disponíveis. Em minitomate, a obtenção de híbridos de tomateiro com internódio curto, maior incremento em produtividade e melhor sabor podem ser obtidos via melhoramento genético a partir da utilização de um parental masculino de porte anão (FINZI et al., 2017).

Apesar do sucesso obtido pelos pesquisadores, a linhagem anã disponível possui frutos do tipo grape, peso médio do fruto (10g), formato ovalado e cor vermelha (MACIEL et al., 2015) impedindo o uso direto da linhagem anã proposta por Finzi et al. (2017b) para outros segmentos (salada, saladete e santa cruz).

O porte anão presente na linhagem UFU MC TOM1 (MACIEL et al., 2015), utilizada no experimento de Finzi et al. (2017b) é de origem genética recessiva. Ao cruzar uma linhagem normal, portadora do hábito de crescimento indeterminada [*self-pruning* (SPSP)] (PIOTTO e PERES, 2012) *versus* linhagem anã UFU MC TOM1 resultará um híbrido normal de crescimento indeterminado com os benefícios agrônômicos observados por Finzi et al. (2017b): incremento em produtividade, melhor sabor e plantas compactas com internódios curtos se diferenciando dos híbridos comerciais. No entanto, não estão disponíveis híbridos com a tecnologia da linhagem anã no segmento saladete. Para tanto, faz-se necessário obter inicialmente as linhagens anãs do tipo saladete e posteriormente, obter os híbridos como realizado por Finzi et al. (2017b) em minitomate.

A obtenção de linhagens anãs para o segmento saladete pode ser alcançada. Após a realização de cruzamento interespecífico entre uma espécie selvagem de tomateiro (peso médio do fruto 8g) *Solanum pennellii* *versus* linhagem comercial (*S. lycopersicum*), seguido de três

retrocruzamentos, foi possível incrementos capazes de obter linhagens portadoras de frutos com padrão comercial (GONÇALVES NETO et al., 2010) e posteriormente, obter híbridos comerciais (MALUF et al., 2010). Após obter no mínimo uma linhagem anã para o segmento saladete será possível obter milhares de combinações híbridas utilizando linhagens normais de bancos de germoplasma (BG) disponíveis no Brasil (Linhagem normal disponível em BG) *versus* linhagem anã desenvolvida na pesquisa).

As divergências de características fenotípicas permitem evidenciar a variabilidade genética entre as populações utilizando-se diferentes métodos, entre os quais destacam-se as variáveis canônicas e os métodos de agrupamento, como o método de otimização de Tocher, método hierárquico *Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA), hierárquico do vizinho mais próximo e hierárquico da mediana (*Weighted Pair Group Method using Arithmetic averages* – WPGMA). A dissimilaridade pode ser quantificada por meio de variáveis quantitativas por intermédio da distância generalizada de Mahalanobis (CRUZ et al., 2011).

Por se tratar de um germoplasma novo, ainda não existem informações sobre qual técnica de análise multivariada seria mais eficiente no estudo da dissimilaridade genética entre os genótipos.

## **2 OBJETIVO**

O objetivo deste trabalho foi avaliar a dissimilaridade genética entre genótipos de porte normal e populações anãs de tomateiro do tipo saladete por diferentes técnicas de análise multivariada.

### 3 REFERENCIAL TEÓRICO

#### 3.1 ASPECTOS GERAIS

O tomate (*Solanum lycopersicum*) tem grande importância econômica. No cenário de consumo mundial é a segunda hortaliça mais consumida, apenas a batata figura à frente. Em parcela de produção percentual, a Ásia é líder com a China detendo 31% da produção asiática (NICK e BORÉM, 2016).

No ano de 2017 a produção registrada foi de aproximadamente 4,3 milhões de toneladas (IBGE, 2018), colocando o Brasil entre os dez maiores produtores mundiais. O mercado fresco (*in natura*) representa 76,2% do total produzido. A produtividade média do setor girou em torno de 57 toneladas hectare<sup>-1</sup>, aproximadamente 5 kg planta<sup>-1</sup>, graças ao desenvolvimento de híbridos longa vida (MELO, 2014).

Com comprovada ação antioxidante, agindo no combate à radicais livres devido a presença significativa de carotenoides, o tomate é um consolidado alimento funcional (NICK e BORÉM, 2016). Classificado com pouco valor calórico, o fruto possui em torno de 95% de água sendo nutricionalmente rico em vitaminas A e C, sódio, potássio, cálcio, fósforo e ferro (TOOR e SAVAGE, 2005).

A espécie *Solanum lycopersicum* têm origem sulamericana em uma região localizada entre o oeste do Equador e norte da Bolívia e Chile. A localização geográfica onde ocorreu a domesticação do tomateiro passa por duas hipóteses, uma indica o Peru e a outra o México como local da domesticação. Genes mediadores do aumento da massa média do fruto tiveram grande influência na domesticação e evolução do tomateiro (PERALTA et al., 2008).

#### 3.2 MELHORAMENTO GENÉTICO DO TOMATEIRO

Espécies silvestres de tomateiro possuem alta variabilidade alélica para expressões fenotípicas de interesse agrônômico, o que facilita muito a hibridação interespecífica com espécies silvestres em programas de melhoramento de tomateiro (DIEZ e NUEZ, 2008).

Bancos de germoplasma de espécies silvestres são de suma importância para a manutenção dos recursos genéticos para utilização futura. No Brasil, destacam-se as coleções de germoplasma da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Campus Monte Carmelo e de

acordo com Nick e Borém (2016) o Banco de Germoplasma de Hortaliças da Universidade Federal de Viçosa e a coleção da Embrapa Hortaliças.

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).

### **3.3 TÉCNICAS DE ANÁLISE MULTIVARIADA**

O uso da análise multivariada para determinar a dissimilaridade genética entre genótipos permite que diversos caracteres avaliados possam ser utilizados simultaneamente, possibilitando unificar as informações. Assim, cada genótipo será representado por um único valor referente às suas características analisadas, tornando-se bastante vantajosa (MOURA et al., 1999; MISSIO et al., 2007).

Por meio da análise de dissimilaridade espera-se encontrar alto grau de similaridade dentre os genótipos contidos em um mesmo grupo, e alta dissimilaridade entre os grupos. Essas informações são utilizadas para evitar cruzamentos dentro de um mesmo grupo (CRUZ et al., 2011). Assim, quanto maior a distância genética entre dois genótipos, maiores são as chances de combinações mais promissoras (HALLAUER, CARENA e FILHO, 2010).

O agrupamento é uma ferramenta de análise que procura classificar geneticamente os indivíduos e permite discriminá-los em grupos pela proximidade de um conjunto de características inerentes a cada indivíduo, agrupando-os por algum critério de ranqueamento, de forma que haja homogeneidade dentro do grupo e heterogeneidade entre grupos (CRUZ e CARNEIRO, 2003).

No agrupamento, as informações utilizadas são referentes à média dos grupos. Quando a população é numerosa, o número de estimativas de similaridade/dissimilaridade alcançadas é relativamente grande, dificultando o reconhecimento de grupos homogêneos. A opção recai sobre o agrupamento dos indivíduos com base nas dispersões, em relação a eixos cartesianos obtidos por componentes, por coordenadas principais ou variáveis canônicas (CRUZ, 1990; DIAS, 1998).

A distância de Mahalanobis ( $D^2$ ) é baseada nas correlações entre os conjuntos de características analisadas por meio da matriz de variâncias e covariâncias residuais. Quanto maior o valor observado, mais similares serão os indivíduos em estudo. Segundo Cruz, Carneiro e Regazzi (2014) a técnica de distância de Mahalanobis permite quantificar a importância

relativa de caracteres para a diversidade genética, por meio da avaliação da contribuição destes para os valores de  $D^2$ . Essas medidas são amplamente utilizadas em análise de agrupamento e outras técnicas de classificação. Dentre as técnicas mais utilizadas estão as variáveis canônicas e os métodos de agrupamento, destacando os métodos de otimização e os hierárquicos (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014).

O método de Tocher requer uma matriz de dissimilaridade, sobre a qual é identificado o par de indivíduos mais similares, os quais formarão o grupo inicial. A partir deste, é avaliada a possibilidade de inclusão de novos indivíduos, adotando-se que a distância média intragrupo deve ser menor que a distância média intergrupo (RAO, 1952; CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014).

Nos métodos hierárquicos os genótipos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis até o estabelecimento de um dendrograma de alto conteúdo informativo (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014), no qual os indivíduos são agrupados por semelhanças e diferenças (FERREIRA, 2018). Dentre os métodos que vêm sendo comumente utilizados pode-se destacar o UPGMA, vizinho mais próximo e WPGMA.

A técnica multivariada de variáveis canônicas é um processo alternativo para a avaliação do grau de similaridade genética entre genitores, que leva em consideração tanto a matriz de covariância residual quanto a de covariância fenotípica entre os caracteres avaliados (CRUZ, CARNEIRO e REGAZZI, 2014). Quando utilizada em estudos de divergência genética possibilita a identificação de indivíduos com maior semelhança em gráficos (CRUZ et al., 2011).

#### 4. MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi conduzido de maio a novembro de 2019 na Estação Experimental de Hortaliças (18°42'43,19"S e 47°29'55,8", 873 m de altitude) e no Laboratório de Recursos Genéticos (LAGEN) da UFU, campus Monte Carmelo.

Os genótipos utilizados no experimento fazem parte do Programa de Melhoramento Genético do Tomateiro da UFU, campus Monte Carmelo, e são provenientes da hibridação entre uma linhagem anã do tipo minitomate UFU MC TOM1 (MACIEL et al., 2015) *versus* UFU MC TOM5 (linhagem pré-comercial do tipo saladete). De posse das sementes  $F_1$  foi realizado um retrocruzamento ( $F_1$  *versus* UFU MC TOM5) obtendo após colheita e semeadura, plantas  $F_1RC_1$ . Todas as sementes  $F_1RC_1$  obtidas foram semeadas sendo em seguida colhidas sementes  $F_2RC_1$  em plantas individuais.

Os genótipos foram semeados em bandejas de polietileno (200 células), preenchidas com substrato a base de fibra de coco. Populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> que apresentaram 100% de plantas normais, isto é, não segregaram para porte anão, foram descartadas. Em contrapartida, populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> que segregaram para porte anão foram identificadas e selecionadas para o experimento. A segregação (plantas anãs e plantas normais) ocorrida na geração F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> já era esperada, pois havia sido relatado por Maciel et al. (2015) e Finzi et al. (2017) sendo possível a identificação e seleção já na fase de mudas.

O experimento foi constituído por dez populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> anãs previamente selecionadas (1-UFU SDi 4, 2-UFU SDi 5, 3-UFU SDi 7, 4-UFU SDi 8, 5-UFU SDi 9, 6-UFU SDi 10, 7-UFU SDi 11, 8-UFU SDi 13, 9-UFU SDi 16, 10-UFU SDi 17), genitor doador (UFU MC TOM1), genitor recorrente (UFU MC TOM5) e uma cultivar comercial, híbrido Pizzadoro, totalizando treze tratamentos.

Aproximadamente 35 dias após a semeadura as mudas foram transplantadas para vasos de cinco litros contendo substrato a base de fibra de coco. O experimento foi conduzido em delineamento experimental em blocos casualizados (DBC) com quatro repetições. As parcelas experimentais foram compostas por seis vasos contendo uma planta cada.

Os tratos culturais realizados seguiram as recomendações para o cultivo do tomateiro em casa de vegetação (ALVARENGA et al., 2013). Por apresentarem baixa taxa de brotação e caule ereto (MACIEL et al., 2015b), não foi necessário realizar as operações de desbrota e tutoramento nas plantas anãs.

O germoplasma foi caracterizado com base em características agrônômicas, de qualidade de frutos e resistência a pragas:

**Teor de acilaçúcares (nmols/cm<sup>2</sup> de área foliar):** foi determinado aos 75 DAS, utilizando uma amostra composta por oito discos foliares (equivalente a 4,2 cm<sup>2</sup>) de cada planta da parcela. Os discos foram coletados de folíolos do terço superior das plantas e acondicionados em tubos de ensaio. A extração e quantificação do aleloquímico acilaçúcar seguiu a metodologia descrita por Resende *et al.* (2002) e adaptada por Maciel e Silva (2014).

Neste período ocorreu uma infestação natural do inseto no experimento. A contagem do número de ovos e ninfas foi realizada com auxílio de lupa com aumento de 30 vezes. Para isso foram coletados quatro folíolos do terço superior das plantas e foram contabilizados ovos e ninfas em 2cm<sup>2</sup> da área foliar (MALUF et al., 2010). Para avaliação do número de adultos, foi utilizado um espelho, com o objetivo de visualizar os insetos na face abaxial das folhas evitando o voo dos hemípteros (MACIEL *et al.*, 2017):

**Número de ovos de mosca branca (ovos/cm<sup>2</sup> de área foliar):** quantidade de ovos de *B. tabaci* por cm<sup>2</sup> de folha do tomateiro aos 130 DAS;

**Número de ninfas de mosca branca (ninfas/cm<sup>2</sup> de área foliar):** quantidade de ninfas de *B. tabaci* por cm<sup>2</sup> de folha do tomateiro aos 130 DAS;

**Número de adultos de mosca branca (adultos/folha):** quantidade de insetos adultos de *B. tabaci* por folha do tomateiro aos 130 DAS;

**Distância entre internódios (cm):** medida realizada pela razão da altura da planta pelo número de internódios  $DI = \frac{\text{altura da planta}}{(\text{n}^\circ \text{ de nós} - 1)}$  ;

**Massa média de fruto (g):** razão entre a massa total dos frutos pela quantidade total dos frutos colhidos;

**Comprimento (diâmetro longitudinal) de fruto (cm):** distância vertical entre o pedúnculo e a parte estilar do fruto, medida com o auxílio de uma régua graduada em milímetros, após corte longitudinal do fruto;

**Diâmetro transversal de fruto (cm):** distância horizontal entre as extremidades do fruto, medida com o auxílio de uma régua graduada em milímetros, na região central do fruto, após corte vertical do fruto;

**Índice de formato de fruto:** coeficiente gerado pela divisão entre o diâmetro longitudinal e o diâmetro transversal. Para tomates do tipo saladete, espera-se coeficientes maiores que 1,5;

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

**Número de lóculos do fruto (un):** quantidade de lóculos observada após corte horizontal do fruto.

**Teor de sólidos solúveis totais (°Brix):** unidade medida com o auxílio de refratômetro analógico com graduação de 0,2 °Brix, em uma escala de 0 – 32%.

**Teor de betacaroteno e licopeno (mg/100mg):** A extração dos pigmentos do fruto foi realizada de acordo com metodologia proposta por Nagata e Yamashita (1992), com adaptações. A quantificação do conteúdo de betacaroteno e licopeno seguiu as recomendações de Rodrigues-Amaya (2001); Rodrigues-Amaya e Kimura (2004).

Os dados foram submetidos à análise multivariada com o objetivo de determinar a dissimilaridade genética entre os genótipos. A matriz de dissimilaridade foi obtida pela distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2_{ii}$ ). A partir da matriz de distância de Mahalanobis,

a diversidade genética foi representada pelos métodos: hierárquico *Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages* (UPGMA), hierárquico do vizinho mais próximo, hierárquico da mediana (*Weighted Pair Group Method using Arithmetic averages* – WPGMA), otimização de Tocher e variáveis canônicas.

As validações dos agrupamentos gerados nos dendrogramas foram determinadas pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC). Utilizou-se o *software* GENES (CRUZ, 2016) para as análises. As linhas de corte apresentadas nos gráficos para definição dos grupos foram definidas a 5% de dissimilaridade genética.

## 5. RESULTADO E DISCUSSÃO

Com as variáveis respostas analisadas pode-se evidenciar a dissimilaridade genética entre a linhagem anã (UFU TOM1), o genitor recorrente (UFU TOM5), a cultivar comercial (Pizzadoro) e as populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub>. Os dendrogramas obtidos por diferentes métodos hierárquicos utilizados foram eficientes na determinação da dissimilaridade genética entre os genótipos analisados (Figura 1).

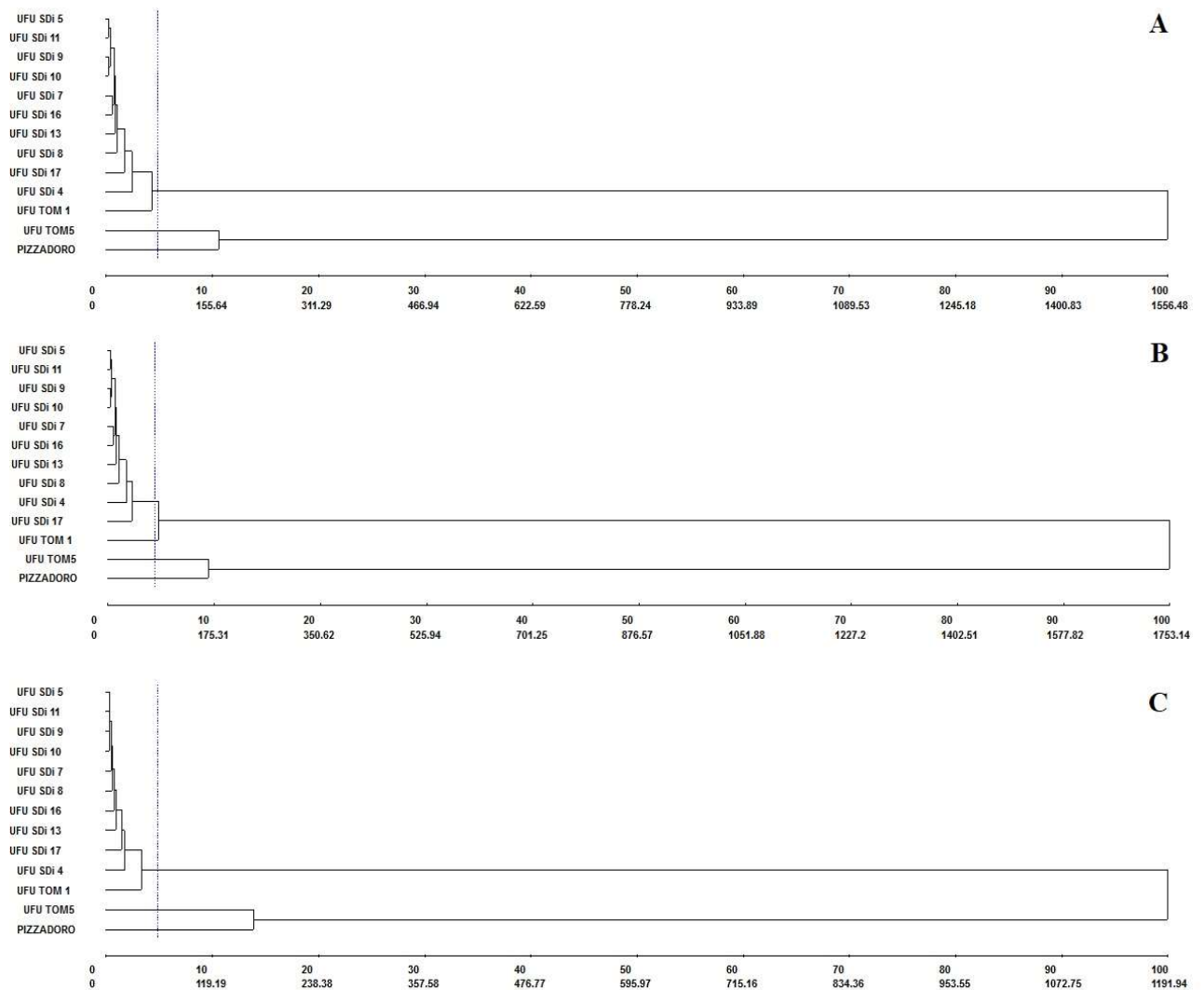


**Figura 1.** Dendrograma da dissimilaridade genética entre dez populações  $F_2RC_1$  de tomateiro anão do tipo Saladete (UFU-SDi-n), a linhagem anã do tipo minitomate (genitor doador - UFU TOM1), o genitor recorrente (UFU TOM5) e a cultivar comercial (Pizzadoro), obtida pelo método hierárquico UPGMA, (A); método hierárquico da mediana WPGMA (B) e pelo método hierárquico do vizinho mais próximo (C).

O método hierárquico WPGMA possibilitou a separação dos genótipos em quatro grupos, inserindo as populações  $F_2RC_1$  em um único grupo, segregando do genitor doador UFU TOM 1 (Figura 1B). Resultado similar foi obtido por Finzi et al. (2020) ao analisarem a dissimilaridade genética entre populações anãs  $F_2RC_1$  do tipo salada.

O fato de os genótipos anões não formarem um único grupo revela a eficiência do primeiro retrocruzamento para as características avaliadas, demonstrando que apesar de

apresentarem porte anão as populações obtiveram incrementos por meio do método de retrocruzamento em relação ao doador (BORÉM e MIRANDA, 2013).

Em contrapartida, os outros métodos hierárquicos utilizados (UPGMA e vizinho mais próximos) possibilitaram a formação de três grupos não distinguindo as populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> do genitor doador.

Os coeficientes de correlação cofenética obtidos (Tabela 1) demonstraram que os três métodos de análise hierárquica possuem alta confiabilidade, sendo eficientes para se determinar a dissimilaridade genética entre populações analisadas, podendo-se optar por qualquer um deles, levando-se em considerações as especificidades do estudo. Coeficiente de correlação cofenética superior a 0,70 demonstra uma relação adequada entre a distância da matriz e o dendrograma produzido (CRUZ, 1990).

**Tabela 1.** Coeficientes de Correlação Cofenética (CCC) de métodos hierárquicos utilizados para avaliar a dissimilaridade genética entre populações F<sub>2</sub>RC<sub>1</sub> de tomateiro anão do tipo Saladete, a linhagem anã do tipo minitomate (genitor doador - UFU TOM1), o genitor recorrente (UFU TOM5) e a cultivar comercial (Pizzadoro), com base na distância generalizada de Mahalanobis.

| Método Hierárquico   | Coeficiente de Correlação Cofenética |
|----------------------|--------------------------------------|
| UPGMA                | 0,9776**                             |
| WPGMA                | 0,9775**                             |
| Vizinho mais próximo | 0,9775**                             |

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

Pelo método de Tocher foram formados dois grupos sendo o grupo I formado por 84,6% dos genótipos e o grupo II apenas com o genitor recorrente (UFU TOM5) e a testemunha comercial (Pizzadoro), evidenciando a dissimilaridade genética entre os genótipos.

**Tabela 2.** Agrupamento gerado pelo método de Otimização de Tocher com base na distância de Mahalanobis, estimada a partir de quatorze variáveis – agronômicas e nutricionais –,

analisadas em populações  $F_2RC_1$  de tomateiro anão do tipo Saladete, a linhagem anã do tipo minitomate (genitor doador - UFU TOM1), o genitor recorrente (UFU TOM5) e a cultivar comercial (Pizzadoro).

| Grupos | Indivíduos                                                                                                                    |
|--------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| I      | UFU SDi 5, UFU SDi 11, UFU SDi 9, UFU SDi 10, UFU SDi 7, UFU SDi 16, UFU SDi 13, UFU SDi 8, UFU SDi 17, UFU SDi 4 e UFU TOM 1 |
| II     | UFU TOM 5 e PIZZADORO                                                                                                         |

No entanto, método de Tocher apresentou menor sensibilidade na distinção dos grupos em relação aos métodos hierárquicos o que pode ser devido ao método de Tocher indicar sempre as maiores distâncias entre os grupos (BERTAN et al, 2006), ficando assim menos sensível as médias variações entre os genótipos dentro de cada grupo.

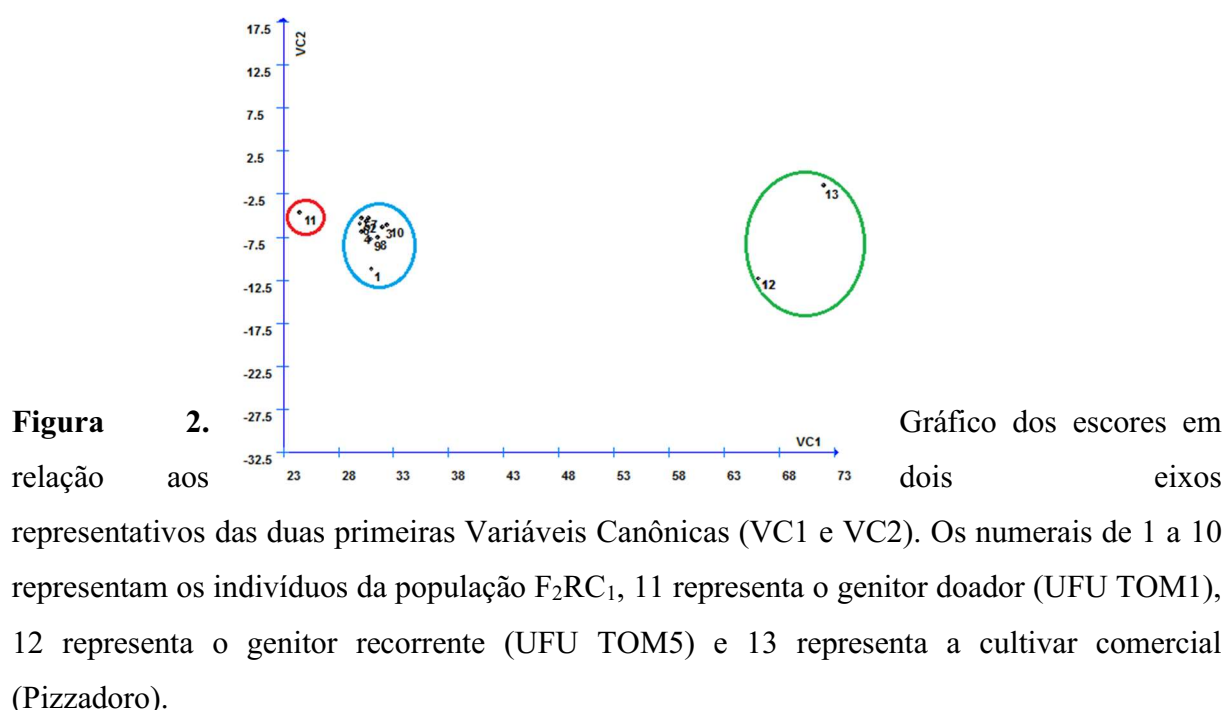
Büttow et al. (2010) ao avaliar 20 acessos de *Capiscum annum* verificaram divergência entre os métodos Tocher e UPGMA, sendo que o método UPGMA identificou mais grupos em relação ao método Tocher.

Duas variáveis foram responsáveis por 97,42% da variância normalizada obtida na matriz de variáveis canônicas (Tabela 3).

**Tabela 3.** Estimativas da variância do autovalor, porcentagem da variância e variância acumulada das variáveis canônicas, obtidos de quatorze variáveis resposta.

| Variável Canônica | Autovalores | Variância (%) | Variância Acumulada (%) |
|-------------------|-------------|---------------|-------------------------|
| VC1               | 216,930     | 94,110        | 94,110                  |
| VC2               | 7,630       | 3,310         | 97,420                  |
| VC3               | 2,370       | 1,030         | 98,450                  |
| VC4               | 1,340       | 0,580         | 99,030                  |
| VC5               | 1,110       | 0,480         | 99,510                  |
| VC6               | 0,490       | 0,210         | 99,720                  |
| VC7               | 0,270       | 0,120         | 99,840                  |
| VC8               | 0,140       | 0,060         | 99,900                  |
| VC9               | 0,120       | 0,055         | 99,955                  |
| VC10              | 0,080       | 0,039         | 99,994                  |
| VC11              | 0,010       | 0,004         | 99,998                  |
| VC12              | 0,004       | 0,002         | 100,000                 |
| VC13              | 0,000       | 0,000         | 100,000                 |
| VC14              | 0,000       | 0,000         | 100,000                 |

Segundo Cruz, Carneiro e Regazzi (2014) quando as primeiras variáveis explicam mais de 80% da variação total, é viável o estudo da divergência genética por meio das distâncias entre linhagens em gráficos de dispersão, cujas coordenadas são escores relativos às primeiras variáveis canônicas. As duas variáveis obtidas na matriz de variáveis canônicas estão representadas na Figura 2. Utilizando-se este método foi possível separar os genótipos em três grupos distintos.



A distância dos pontos é proporcional ao grau de dissimilaridade entre os genótipos e próxima aos resultados obtidos pelas técnicas de agrupamento, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ).

## 6. CONCLUSÃO

Pode-se concluir que entre os métodos estatísticos de análises multivariadas utilizados, os métodos hierárquicos (UPGMA, WPGMA e vizinho mais próximo) foram mais eficientes ao afirmar a dissimilaridade genética entre populações  $F_2RC_1$  de tomateiro anão do tipo saladete.

O método hierárquico WPGMA possibilitou a separação dos genótipos em quatro grupos, inserindo as populações  $F_2RC_1$  em um único grupo, segregando do genitor doador UFU TOM 1.

## REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABCSEM – Associação Brasileira de Comércio de Sementes e Mudas. Dados do setor de Pesquisa de mercado de sementes de hortaliças. 2016. Disponível em: <[www.abcsem.com.br/dadosdosegmento.php](http://www.abcsem.com.br/dadosdosegmento.php)> Acesso em: 27 de agosto de 2017.

AGRIANUAL. **Anuário da Agricultura Brasileira**. Informa economics, São Paulo: FNP. South America, 2015. 456 p.

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

BERTAN, I.; CARVALHO, F. I. F.; OLIVEIRA, A. C.; SILVA, J. A. G.; BENIN, G.; VIEIRA, E. A.; SILVA, G. O.; HARTWIG, I.; VALÉRIO, I. P. e FINATTO, T. Dissimilaridade genética entre genótipos de trigo avaliados em cultivo hidropônico sob estresse por alumínio. **Bragantia**, v. 65, p. 55-63, 2006.

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

BÜTTOW, M.V.; BARBIERI, R.L.; NEITZKE, R.S.; HEIDEN, G.; CARVALHO, F.I.F.; Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**, v. 40, n. 6, p. 1264-1269, 2010.

CRUZ, C. D. **Aplicação de algumas técnicas multivariadas no melhoramento de plantas**. 1990. 188p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Piracicaba.

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

CRUZ, C. D.; CARNEIRO P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: Editora UFV, 585p., 2003.

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

CRUZ, C.D.; CARNEIRO, P.C.S.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3 ed, Viçosa, v. 2, 668 p., 2014.

DIAS, L. A. dos S. Análises multidimensionais. In: ALFENAS, A. C. (Ed.). **Eletroforese de isoenzimas e proteínas afins: fundamentos e aplicações em plantas e microrganismos**. Viçosa: Editora UFV, 1998. p.405- 475.

DÍEZ, M. J.; NUEZ, F. **Vegetables II**. New York: Springer, 2008.

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

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

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.

GONÇALVES NETO, A. C.; SILVA, V. F.; MALUF, W. R.; MACIEL, G. M.; NIZIO, D. A. C.; GOMES, L. A. A.; AZEVEDO, S. M. Resistência à traça-do-tomateiro em plantas com altos teores de acilaçúcares nas folhas. **Horticultura Brasileira**, v. 28, p. 203-208, 2010.

GRUBER K. The living library: Wild and heirloom plants are giving major crop varieties, and the global food system, a genetic makeover. **Nature**, v. 544, p. 8-10, 2017.

HALLAUER, A. R., CARENA, J. M., FILHO, J. B. M. **Quantitative genetics in maize breeding**. Iowa: The Iowa State University Press, 663p., 2010.

HEINE, A. J. M.; MORAES, M. O. B; PORTO, J. S; SOUZA, J. R.; REBOUÇAS, T. N. H.; SANTOS, B. S. R. Número de hastes e espaçamento na produção e qualidade do tomate. **Scientia Plena**, v. 11, n. 9, 2015.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. **Levantamento sistemático da produção agrícola: Estatística da produção agrícola**. [S.l.], p. 24. 2018.

IBGE - Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística. Levantamento sistemático da produção agrícola. 2016. Disponível em:  
<[http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa\\_201710.pdf](http://www.ibge.gov.br/home/estatistica/indicadores/agropecuaria/lspa/lspa_201710.pdf)>.  
Acesso em: 16 de julho de 2020.

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*. **Scientia Forestalis**, v. 73, p. 27-36, 2007.

MACHADO, T. A. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. **Revista Brasileira de Agroecologia**, p. 1-16, 2014.

MACIEL G. M.; MALUF W. R.; SILVA V. F.; GONÇALVES NETO A. C.; HAYATA L.; CARVALHO R. C.; MORETTO P.; LICURSI V.; MORETTO D. P. Heterose e capacidade combinatória em linhagens de tomateiro na obtenção de híbridos com teores intermediários de acilaçúcares. **Horticultura Brasileira**, v. 27, p.1161-1167, 2009.

MACIEL, G. M.; MALUF, W. R.; SILVA, V. F.; GONÇALVES NETO, A. C.; GOMES, L. A. A. Híbridos pré-comerciais resistentes a *Tuta absoluta* obtidos de linhagem de tomateiro rica em acilaçúcares. **Horticultura Brasileira**, v. 29, p. 151-156, 2011.

MALUF, W. R.; SILVA, V. F.; CARDOSO, M. G.; GONÇALVES NETO, A. C.; MACIEL, G. M.; NÍZIO, D. A. C. Resistance to the South American tomato pinworm *Tuta absoluta* in high acylsugar and/or high zingiberene tomato genotypes. **Euphytica**, v. 176, p.113-123, 2010.

MELO, P. C. T. Anuário HF 2014. **Rev. Campo e Negócios**, v. 116, 2014.

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.

NAGATA M.; YAMASHITA I. Simple method for simultaneous determination of chlorophyll and carotenoids in tomato fruit. **Nippon Shokuhin Kogyo Gakkaishi**, v. 39, p. 925-928, 1992.

NICK, C.; BORÉM, A. **Melhoramento de hortaliças**. Viçosa: Editora UFV, 2016. Cap. 13, p. 397-431.

PERALTA, I. E.; SPOONER, D. M.; KNAPP, S. Taxonomy of wild tomatoes and their relatives (*Solanum* sect.. *Lycopersicoides*, sect. *Juglandifolia*, sect. *Lycopersicon*; *Solanaceae*). 2008.

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

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, p. 390, 1952.

TOOR, R. K.; SAVAGE, G. P. Antioxidant activity in diferente fractions of tomatoes. **Food Res. Int.**, v. 38, p. 487-494, 2005.