

**Universidade de São Paulo  
Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”**

**Capacidade combinatória de linhagens de tomate cereja roxo**

**Gustavo Nandi**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

**Piracicaba  
2022**

**Gustavo Nandi**  
**Engenheiro Agrônomo**

**Capacidade combinatória de linhagens de tomate cereja roxo**

Orientador:  
Prof. Dr. **FERNANDO ANGELO PIOTTO**

Dissertação apresentada para obtenção do título de Mestre em Ciências. Área de concentração: Genética e Melhoramento de Plantas

**Piracicaba**  
**2022**

**Dados Internacionais de Catalogação na Publicação  
DIVISÃO DE BIBLIOTECA – DIBD/ESALQ/USP**

Nandi, Gustavo

Capacidade combinatória de linhagens de tomate cereja roxo / Gustavo Nandi. - -  
Piracicaba, 2022.

39 p.

Dissertação (Mestrado) - - USP / Escola Superior de Agricultura “Luiz de  
Queiroz”.

1. *Solanum lycopersicum* L. 2. Dialelo 3. Antocianinas 4. Híbridos I. Título

## AGRADECIMENTOS

À Deus, pela vida e pelo discernimento e energia, sem os quais não seria possível minha trajetória de vida.

Aos meus pais, Doroti Z. Nandi e Nei Nandi, pelo suporte imensurável em todos os aspectos da vida, especialmente durante minha formação, pelo estímulo ao estudo e dedicação na busca da excelência, além de serem exemplos de perseverança nos momentos difíceis.

Ao meu orientador, Prof. Dr. Fernando Piotto, por todo o conhecimento transmitido, pela compreensão, e especialmente pelo exemplo de serenidade e humildade perante os desafios desta etapa concluída.

À CAPES, pela bolsa de Mestrado concedida durante a pesquisa.

Aos meus colegas de Laboratório e amigos, João, Roberta, Jéssica, Renata, Givanildo, Fiorita, Fernanda, Mariana, Hellen, Gleicy, entre outros que colaboraram com a conclusão de meu projeto.

Aos técnicos-administrativos José Carmezini, Amaral, Gustavo e Miguel, pelo apoio em incontáveis situações cotidianas da pesquisa.

## SUMÁRIO

RESUMO.....	5
ABSTRACT.....	6
1. INTRODUÇÃO .....	7
1.1 Origem, evolução e melhoramento do tomateiro .....	7
1.2 O tomateiro e a demanda por alimentos com maior valor nutricional.....	8
1.3 Heterose e capacidade de combinação em tomateiro .....	10
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	13
2.1 Material vegetal.....	13
2.2 Produção das mudas, transplante e condução das plantas .....	13
2.3 Variáveis analisadas.....	14
2.4 Modelo estatístico da anova individual.....	14
2.5 Análises genético-estatísticas.....	15
2.6 Análise de correlação de Pearson .....	16
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO .....	17
3.1 Caracterização geral dos genótipos.....	17
3.2 Avaliação espontânea para caracteres sensoriais .....	22
3.3 Análise de associação entre as variáveis estudadas .....	24
3.4 Capacidade de combinação entre as linhagens de tomate cereja roxo.....	25
4. CONCLUSÃO.....	31
REFERÊNCIAS.....	33
ANEXOS.....	37

## RESUMO

### Capacidade combinatória de linhagens de tomateiro cereja roxo

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das culturas alimentícias mais importantes em nível mundial, tanto em relação ao aspecto econômico quanto social. Esta hortaliça é uma das espécies que possui potencial para uso como “alimento nutracêutico”, cujo termo se refere a qualquer alimento ou parte deste que proporcione benefícios à saúde, incluindo a prevenção e o tratamento de doenças. Neste sentido, o tomateiro é uma das espécies que pode ajudar a atender a demanda por alimentos com elevado valor nutricional, devido à possibilidade de enriquecer os frutos com compostos tais como as antocianinas. As antocianinas são a mais ampla classe de pigmentos hidrossolúveis encontrados nas plantas em inúmeras formas, das quais predominam a petunidina, cianidina, delphinidina e peonidina, sendo uma subclasse do grupo dos compostos fenólicos, amplamente reconhecidas por seu potencial anticarcinogênico, anti-inflamatório e de prevenção de doenças metabólicas. Por esse motivo, o objetivo deste trabalho foi estimar as capacidades combinatórias de linhagens de tomateiro cereja roxo, desenvolvidas no Laboratório de Melhoramento de Hortaliças (LMH) da Esalq/USP, visando identificar os melhores genótipos para novos cruzamentos, além de caracterizar e identificar híbridos que possuam potencial para serem lançados como novas cultivares. Para tanto, foram utilizadas sete linhagens que deram origem à 21 híbridos do grupo cereja, cuja coloração dos frutos é roxa. Tanto as linhagens como os híbridos foram cultivados em estufa, sendo avaliadas a Produção de frutos por planta (PROD, kg.planta<sup>-1</sup>), Número de frutos por planta (NFP, número.planta<sup>-1</sup>), Massa média de fruto (MMF, g.fruto<sup>-1</sup>), Diâmetro de fruto (D, mm), Comprimento de fruto (C, mm), Fator de Forma (FF, C/D), em um experimento com três repetições e quatro plantas por parcela. Com base nestes dados, foi realizada uma caracterização geral e também a estimativa das capacidades gerais e específicas de combinação, sendo possível constatar que diferenças entre significativas entre os genótipos estudados, em relação aos caracteres morfoagronômicos. Além disso, os híbridos H1-4, H1-6, H1-7, H2-6, H3-7 e H6-7 foram aqueles que apresentaram maior rendimento em PROD, o que aparentemente se deu pelas combinações entre linhagens com maior número de frutos e maior massa média, sendo estes híbridos potenciais candidatos a novas cultivares. Todas as linhagens apresentaram CGC significativa para ao menos uma das variáveis estudadas na análise dialélica. Isso indica que há efeitos aditivos importantes que podem ser explorados em novos programas de melhoramento utilizando essas linhagens, com destaque para as linhagens L1 e L7, que se mostraram promissoras para aumentar tanto a produção como a massa média dos frutos, nos cruzamentos em que elas foram utilizadas. Por fim, poucas combinações entre linhagens mostraram CEC significativas e no sentido desejado de acordo com cada variável, sendo estes os híbridos H1-4, H2-6 e H3-7 para PROD, os híbridos H2-4 e H4-6 para MMF e os híbridos H1-4, H5-7 e H2-6 para NFP.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, Dialélio, Antocianinas, Híbridos

## ABSTRACT

### Combining ability of purple cherry tomato inbred lines

The tomato plant (*Solanum lycopersicum* L.) is one of the most important food crops in the world, regarding both economic and social aspects. This vegetable is one of the species that has the potential for use as a "nutraceutical food", whose term refers to any food or food part which provides health benefits, including the prevention and treatment of diseases. In this sense, tomato is one of the species that can help meet the demand for foods enhanced in nutritional value, due to the possibility of enriching fruits with compounds such as anthocyanins. Anthocyanins are the widest class of water-soluble pigments found in plants in numerous forms, of which petunidine, cianidin, delphinidine and peonidine stand out, being a subclass of the phenolic compound group, which is recognized for their anticarcinogenic, anti-inflammatory and potential to prevent metabolic diseases. For this reason, the objective of this work was to estimate the combining abilities of purple cherry tomato inbred lines, developed at the Vegetable Breeding Laboratory (LMH) of Esalq/USP, aiming to identify the best genotypes for new crosses, besides characterizing and identifying potentially outstanding hybrids adequate to be released as new cultivars. For this purpose, seven lines were used to generate 21 hybrids of the cherry group whose fruit color was purple. Both lines and hybrids were grown in a greenhouse, and fruit yield per plant (PROD, kg.plant<sup>-1</sup>), Number of fruits per plant (NFP, number.plant<sup>-1</sup>), average fruit mass (MMF, g.fruit<sup>-1</sup>), Fruit diameter (D, mm), Fruit length (C, mm), Shape Factor (FF, C/D) were evaluated in an experiment with three replicates and four plants per plot. Based on these data, a general characterization was performed and also the estimation of the general and specific combining abilities, being possible to verify significant differences among the genotypes studied regarding morphoagronomic traits. In addition, combinations H1-4, H1-6, H1-7, H2-6, H3-7 and H6-7 were those with the highest PROD, which apparently occurred by the combinations between lines with higher number of fruits and higher average fruit mass, being these hybrids potentially candidates for new cultivars. All strains presented significant GCA estimates for at least one of the variables studied in the diallelic analysis which is an evidence that there are important additive effects that can be explored in new breeding programs using these lines, especially L1 and L7 lines, which have shown promise to increase both yield and average fruit mass, in the crosses they were involved. Finally, few combinations between lines showed significant SCA estimates and in the desired direction according to each variable, being hybrids H1-4, H2-6 and H3-7 for PROD, hybrids H2-4 and H4-6 for MMF and hybrid H1-4, H5-7 and H2-6 for NFP.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, Diallel, Anthocyanins, Hybrids

## 1. INTRODUÇÃO

### 1.1 Origem, evolução e melhoramento do tomateiro

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é uma das culturas alimentícias mais importantes em nível mundial, sendo que no Brasil seu cultivo se estende por mais de 55 mil hectares, com produção de quase 4 milhões de toneladas a cada ano, concentrados principalmente nos estados de São Paulo e Goiás (IBGE, 2021). Em termos de mercado, a tomaticultura movimenta anualmente cerca de R\$ 10 bilhões, o que o ressalta a importância econômica desta cultura no país (Kist et al., 2021).

O tomateiro é uma das espécies mais extensivamente estudadas, sendo amplamente utilizada como modelo de estudos genéticos, devido ao seu genoma pequeno - o qual foi sequenciado há quase uma década (Tomato Genome Consortium, 2012) - condição diploide ( $2n=2x=24$ ), ciclo cultural relativamente curto e recursos genéticos disponíveis (Barone et al., 2008). É uma espécie altamente autógama, pertencente à família *Solanaceae*, da qual fazem parte mais de 3000 espécies, muitas de grande importância econômica tais como a batata, berinjela, tabaco e pimentas (Bergougnoux, 2014). Sua origem, juntamente com seus 12 parentes selvagens, remete ao Oeste da América do Sul, abrangendo o Peru, Equador, Ilhas Galápagos e norte do Chile, se estendendo pelos mais diversos ambientes, desde o nível do mar até altitudes que superam os 3300 m (Peralta e Spooner, 2006).

A domesticação do tomateiro, assim como de outras culturas originadas dos Andes, foi iniciada pelos povos indígenas locais (Lin et al., 2014; Peralta & Spooner, 2006), ocasionando diversas modificações morfológicas de ancestrais selvagens, como *Solanum lycopersicum* var. *cerasiforme*, *S. pimpinelifolium* e *S. cheesmaniae*, que culminaram no tomateiro cultivado conhecido atualmente (*Solanum lycopersicum* var. *esculentum*). Os frutos originalmente tinham formato de pequenas bagas semelhantes a cerejas, ao passo que, após centenas de anos de cruzamentos e seleção, chegam a apresentar um incremento de mais de 100 vezes em sua massa (Lin et al., 2014).

Apesar da espécie originalmente apresentar grande variabilidade morfológica, o processo de domesticação, juntamente com o melhoramento genético, levaram ao estreitamento substancial da base genética do tomateiro (Cappetta et al., 2020), além de modificar diversos atributos relacionados ao fruto (formato, cor, tamanho, morfologia, etc) e à planta, tais como hábito de crescimento, altura de planta, redução de dormência de sementes e precocidade (Bai & Lindhout, 2007; Sim et al., 2012). Enfim, sucessivos eventos de seleção consciente ou inconsciente e décadas de melhoramento genético foram responsáveis pela perda significativa de



alelos que compunham a variabilidade genética original da espécie (Sim et al., 2012), limitando os ganhos genéticos para diversas características (Ranc et al., 2008; Razifard et al., 2020).

Sendo uma espécie autógama, de forma geral os programas de melhoramento visam a obtenção de linhagens superiores, as quais podem ser utilizadas diretamente como novas cultivares ou então utilizadas em combinações híbridas. Dentre as hortaliças autógamas, o tomateiro é uma das poucas em que o uso comercial de híbridos é expressivo. Nesse caso, o uso de híbridos  $F_1$  é amplamente explorado no melhoramento do tomateiro devido a inúmeras vantagens, como por exemplo, sua melhor adaptabilidade em diferentes condições de ambiente, maior produtividade, uniformidade e resistência a doenças, quando comparados às linhagens, além da possibilidade de combinar as melhores características de cada genitor no híbrido (Solieman et al., 2013). Para tal, são necessárias diversas etapas anteriores que objetivam selecionar os melhores genitores a serem direcionados para os cruzamentos e confecção dos híbridos. Esta seleção é baseada na avaliação criteriosa das linhagens, visando estimar seu desempenho como genitoras, possibilitando muitas vezes prever o desempenho dos híbridos gerados (Georgiev, 1991). Neste contexto, as análises dialélicas são um dos métodos mais utilizados no melhoramento de plantas com foco na obtenção de híbridos com desempenho superior, auxiliando também no entendimento da herança das características sob estudo e fornecem informações úteis na escolha das melhores linhagens e dos melhores híbridos através das estimativas das capacidades combinatórias (Griffing, 1956b; Ramalho, 2013; Sprague & Tatum, 1942).

## **1.2 O tomateiro e a demanda por alimentos com maior valor nutricional**

De acordo com a OMS, 45% das mortes de crianças até cinco anos de idade ocorre devido à subnutrição seja pela falta, excesso ou desequilíbrio de nutrientes minerais, vitaminas e micronutrientes (WHO, 2021). De acordo com Stewart et al. (2010), o problema da desnutrição em sua maior parte não reside no reduzido aporte calórico, mas sim na ingestão de alimento de baixa qualidade e baixo teor de micronutrientes. A partir desses estudos, nota-se um interesse mundial crescente no desenvolvimento de culturas alimentícias com potencial para suprir demandas nutricionais específicas da população (Hefferon, 2015) o que têm estimulado pesquisas de melhoramento genético nas mais diversas culturas como solução para problemas de desnutrição e de doenças causadas pela deficiência de minerais (Singh et al., 2016).

Neste sentido, a biofortificação e a nutraceutica vem ganhando cada mais importância entre consumidores, e também têm mobilizado pesquisadores no sentido de desenvolver novos produtos que com o objetivo de atender à essas demandas. A biofortificação é definida como o

desenvolvimento de culturas alimentícias com maior concentração de micronutrientes, seja pelo uso de práticas convencionais de melhoramento ou via abordagens biotecnológicas (Nestel et al., 2006), enquanto que o termo “alimentos nutracêuticos” se refere a quaisquer alimentos ou partes destes que proporcionem benefícios à saúde, incluindo a prevenção e o tratamento de doenças (DeFelice, 1995).

Alguns exemplos dentre as abordagens numerosas que vêm sendo propostas como ferramentas de biofortificação de culturas alimentícias são o melhoramento genético para enriquecimento de trigo com Ferro e Zinco (Velu et al., 2014), batatas-doce com elevado teor de betacaroteno (pró-vitamina A) (Neela & Fanta, 2019), e do próprio tomateiro para acúmulo de flavonoides (Verhoeyen et al., 2002), entre outros. Nesse neste sentido, estratégias de melhoramento voltadas para explorar a variação genética existente e gerar genótipos com teores mais elevados de nutrientes e compostos nutracêuticos podem ser possíveis soluções para os problemas citados, especialmente pelo seu baixo custo e sustentabilidade se comparado à suplementação de nutrientes por meio de cápsulas e similares (Mayer et al., 2008).

Dentre as espécies com potencial para uso como alimentos enriquecidos com nutrientes, temos que o tomateiro é rico em sais minerais, vitaminas A, B1, B2, B3 e C, tendo quantidades pouco relevantes de gordura e proteína (Davies et al., 1981). Os tomates possuem também licopeno, um dos carotenoides mais abundantes nos frutos maduros, e que proporciona a coloração vermelho-intensa característica desta espécie (Shi & Le Maguer, 2000). Por estar entre as hortaliças mais consumidas mundialmente o tomate possui elevado potencial como uma das culturas alvo de biofortificação ou enriquecimento nutricional (Bovy et al., 2002). Recentemente, inúmeras abordagens têm sido propostas com objetivo de elevar o conteúdo nutricional dos frutos do tomateiro, especialmente de antocianinas, seja via melhoramento convencional (Jones et al., 2003; Mes et al., 2008) ou por ferramentas biotecnológicas, tais como a transformação genética (Butelli et al., 2008; Muir et al., 2001; Verhoeyen et al., 2002).

No segmento que envolve os alimentos com potencial nutracêutico, aqueles que apresentam maiores concentrações de antocianinas merecem destaque. As antocianinas são os pigmentos abundantemente encontrados nas plantas vasculares sob as formas de inúmeras moléculas levemente diferenciadas entre si e que compartilham uma estrutura básica, a antocianidina, que quando glicosada, passa a ser chamada antocianina (Castañeda-Ovando et al., 2009). As antocianinas são a mais ampla classe de pigmentos hidrossolúveis encontrados nas plantas sob inúmeras formas, das quais predominam a petunidina, cianidina, delphinidina e peonidina (Castañeda-Ovando et al., 2009; Yousuf et al., 2016). São subclasses do grupo dos compostos fenólicos, e amplamente reconhecidas por seu potencial anticarcinogênico, anti-

inflamatório e de prevenção de doenças metabólicas, como o diabetes tipo 2 e a obesidade, comprovados através de diversos estudos *in vitro* e *in vivo* (Khoo et al., 2017; Smeriglio et al., 2016; Tanaka & Ohmiya, 2008).

Diferentemente de outros membros da família *Solanaceae*, como a pimenta (*Capsicum* spp.) e berinjela (*Solanum melongena* L.), os frutos do tomateiro apresentam em geral pouca ou nenhuma quantidade de antocianinas (Gonzali et al., 2009). Estudos têm se dedicado a compreender a função e a genética subjacente à expressão da antocianina, bem como a aumentar a expressão desta em frutos de tomateiro, através da manipulação de fatores de transcrição (Butelli et al., 2008), transformação genética (Muir et al., 2001; Verhoeven et al., 2002) e melhoramento genético convencional (Jones et al., 2003; Mes et al., 2008). O melhoramento genético pode ser proposto, nesse contexto, para elevar o valor nutricional das plantas, por meio da manipulação dos genes através de cruzamentos e ciclos de seleção direcionados, visando aumentar a frequência dos alelos que favoráveis à característica em questão.

Sabe-se que, em tomateiro, a expressão de antocianina está intimamente relacionada à expressão de três genes, originalmente encontrados em espécies não domesticadas aparentadas ao tomateiro cultivado, a partir dos quais foi realizada a introgressão, sendo eles os genes *Aubergine* (*Abg*) (Rick et al., 1994) de *Solanum lycopersicoides*, *Anthocyanin fruit* (*Aft*) oriundo de *S. chilense* (Jones et al., 2003) e *atroroseacea* (*atr*) de *S. cheesmaniae* (Jones et al., 2003). A combinação destes genes em populações experimentais resultou em níveis variados de coloração roxa na pele dos frutos de tomate e, embora não se tenha obtido a combinação dos três genes, constatou-se que o haplótipo *AftAft atratr* gerou uma melhor resposta em termos de expressão de antocianina na pele do fruto (Mes et al., 2008). A partir dessas populações de melhoramento, foram selecionados genótipos promissores, dentre eles a cultivar ‘*Indigo Rose*’, lançado em 2012 pela Universidade do Oregon, contendo os genes *Aft* e *atr* que condicionam sua coloração roxa intensa, nos quais concentração de antocianina na pele de seus frutos alcança mais de 100mg a cada 100g de fruto fresco (Mes et al., 2008). Este estudo despertou a atenção dos melhoristas para o desenvolvimento de novas cultivares de tomateiro, cujos frutos acumulassem mais antocianinas, apresentando elevado potencial nutracêutico.

### 1.3 Heterose e capacidade de combinação em tomateiro

A heterose é um fenômeno intensamente estudado e explorado no melhoramento de plantas desde a primeira metade do século XX, e sua manifestação em tomateiro têm sido reportada em diversos estudos (Andrade et al., 2014; Bai & Lindhout, 2007; Bhatt et al., 2001). Ela é definida pelo desempenho superior do híbrido em relação a seus genitores, sendo mais

pronunciada na geração F1, com efeito decrescente de acordo com o avanço das gerações (Georgiev, 1991).

Atualmente, as cultivares híbridas de tomateiro são amplamente utilizadas no mercado, apesar do alto custo das sementes. Seu uso é preferível devido às inúmeras vantagens, que proporcionam superioridade agrônômica em relação a outros tipos de cultivares (Solieman et al., 2013; Yordanov, 2015). Devido a isso, os programas de melhoramento têm direcionado esforços para o desenvolvimento de híbridos que atendam a demanda do mercado por cultivares cada vez mais produtivas e específicas para cada nicho, especialmente com frutos de maior qualidade nutricional, resistência a doenças e maior durabilidade pós-colheita (Andrade et al., 2014).

A seleção de genitores em um programa de melhoramento genético consiste na primeira etapa para obtenção de cultivares híbridas (Cappetta et al., 2020), e portanto é uma das etapas mais importantes do processo. A avaliação *per se* dos genitores, entretanto, é laboriosa e muitas vezes insuficiente para a obtenção de híbridos superiores, dependendo do controle genético da característica. Na ausência de dados genômicos, que poderiam facilitar a estimativa dos *breeding values* dos parentais, é necessário lançar mão de estratégias baseadas em variância e covariância genética entre os indivíduos. Para isso, diversas abordagens foram propostas com o objetivo de avaliar um conjunto de linhagens endogâmicas em relação ao seu desempenho em gerar progênes superiores.

Uma das abordagens mais aplicadas em estudos genéticos são os cruzamentos dialélicos (Griffing, 1956b; Sprague & Tatum, 1942), que consistem na obtenção de todas as possíveis progênes dadas as linhagens disponíveis. As análises dialélicas são capazes de fornecer evidências para testarmos a presença de efeitos aditivos bem como efeitos não-aditivos no controle genético das características sob estudo (Mather & Jinks, 1982).

Um dos métodos de análise de dialelos mais utilizado foi proposto por Griffing (1956b), e é amplamente utilizado em estudos genéticos, permitindo obter informações sobre as capacidades combinatórias geral (CGC) e específica (CEC), visando a escolha dos melhores genitores para alocação em blocos de cruzamento, bem como o estudo do controle genético das características de importância e estimativas de heterose em híbridos. O modelo pode comportar as diversas possibilidades de um dialelo: F1 + parentais + recíprocos, F1 + parentais e F1 + recíprocos e também variações na forma como o efeito de genótipo é modelado (fixo ou aleatório). O modelo fornece, em suma: a) as estimativas da capacidade geral de combinação (CGC) para cada genitor ( $g_i$ ), e representa o desempenho médio dos híbridos gerados por cada  $i$ -ésimo genitor (Sprague & Tatum, 1942) e está diretamente relacionada aos efeitos genéticos aditivos e interações epistáticas do tipo aditiva x aditiva; e b) estimativas da capacidade específica de combinação (CEC-  $s_{ij}$ ), que

diz respeito ao desempenho da *ij-ésima* combinação relativo à média esperada com base no desempenho dos genitores *i* e *j* envolvidos no cruzamento e fornece informação sobre os efeitos genéticos não-aditivos (Sprague & Tatum, 1942).

As estimativas de CGC e CEC são fundamentais como base teórica para a seleção de genitores e híbridos em um programa de melhoramento. Por estar diretamente ligada ao componente genético aditivo, a CGC ( $g_j$ ) fornece evidências do valor aditivo ou *breeding value* do genitor, que reflete sua capacidade de transmitir alelos favoráveis às progênes do genitor em questão. A CEC ( $s_{ij}$ ) por sua vez, é um excelente indicativo das combinações híbridas superiores, apontando para cruzamentos que tiveram desempenho superior devido à complementariedade genética entre os genitores.

A tomaticultura brasileira é dividida em diversos segmentos, onde se destacam os tomates de mesa (salada ou saladete), grupo que domina o mercado, cultivados sob tutoramento e em geral a céu aberto; as cultivares de tomate rasteiro, destinado à indústria de processamento para extrato e molho; e ultimamente, sob grande crescimento, são os tomates do tipo ‘grape’ e ‘cereja’, cultivados em casa de vegetação, possuindo sabor muito agradável, alto valor agregado e, muitas vezes, destinados à alta gastronomia para consumo *in natura*. No Brasil, há pouca ou nenhuma informação sobre cultivares de tomate desenvolvidas com o objetivo de suprir a demanda por alimentos com maior potencial nutracêutico, especialmente com elevado teor de antocianinas. A escassez de linhas de pesquisa de melhoramento genético envolvendo enriquecimento nutricional do tomateiro, especialmente do segmento cereja, foi um dos estímulos para o início deste trabalho, que é pioneiro na implementação de um programa de melhoramento de tomateiro para elevar as concentrações de antocianinas nos frutos.

Apesar de alguns genótipos com alto teor de antocianina já terem sido disponibilizados no mercado, como o a cultivar ‘*Indigo Rose*’, lançada em 2012 pela Universidade do Oregon, ainda há muito a ser explorado com a utilização destes genes em outros grupos varietais de tomate, como o tipo ‘cereja’, que têm apresentado uma grande expansão de mercado. Diante do exposto, e considerando a ausência no Brasil de cultivares de tomate que atendam a essa demanda específica, o objetivo deste trabalho foi estimar as capacidades combinatórias de linhagens de tomateiro cereja roxo, desenvolvidas no Laboratório de Melhoramento de Hortaliças (LMH) da Esalq/USP, visando identificar os melhores genótipos para novos cruzamentos, além de caracterizar e identificar híbridos que possuam potencial para serem lançados como novas cultivares.

## 2. MATERIAL E MÉTODOS

### 2.1 Material vegetal

Neste trabalho foram utilizadas sete linhagens de tomateiro, desenvolvidas em trabalhos anteriores do Programa de Melhoramento de Tomate, do Laboratório de Melhoramento de Hortaliças (LMH), Esalq/USP. Este trabalho teve início em 2016 a partir de um cruzamento biparental entre a cultivar *Indigo Rose* (frutos redondos e roxos) e a linhagem GLA-3 (*Grape Low Acid* - frutos vermelhos e alongados), sendo esta última também desenvolvida no LMH, visando a combinação de alto teor de antocianinas (*Indigo Rose*) com o formato, produtividade e sabor da linhagem GLA-3 do tipo cereja alongado.

A população segregante foi conduzida pelo método genealógico, sendo então selecionadas sete linhagens ( $F_{6:7}$ ) com coloração roxa dos frutos, entre outras características agronômicas importantes, as quais podem ser acessadas em Piotto et al. (2019). Estas sete linhagens foram utilizadas para combinarem entre si, por meio de cruzamentos em esquema de dialelo completo sem recíprocos, originando  $p(p-1)/2 = 21$  híbridos  $F_1$ . Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação (gentilmente cedida pelo Prof. Dr. José Baldin Pinheiro) de julho a dezembro de 2020. As sementes colhidas dos frutos foram submetidas à fermentação com *Saccharomyces cerevisiae* (produto comercial Fermix<sup>®</sup>), para retirada da mucilagem, lavadas e colocadas para secar em estufa com ventilação forçada a 30 °C por 24h. Após a secagem, as sementes foram colocadas em envelopes de papel e armazenadas em câmara fria a 10 °C e 20% de umidade relativa, até sua semeadura para o experimento.

### 2.2 Produção das mudas, transplante e condução das plantas

Em março de 2021, os 28 genótipos (sete linhagens e 21 híbridos  $F_1$ ) foram semeados em bandejas de 162 células, de poliestireno de alta densidade, contendo substrato à base de fibra de coco. A nutrição foi iniciada no 10º dia após a semeadura, de acordo com o Anexo A. Após 30 dias, as mudas foram transplantadas para vasos de cinco litros contendo substrato Floreira<sup>®</sup> (Base Substratos). Os vasos com as plantas foram alocados em estufa no Departamento de Genética da Esalq/USP, em linhas duplas com espaçamento de 0,3 x 0,5 x 1,0m (0,30m entre plantas na linha, 0,50m nas linhas duplas e 1,0m entre linhas duplas). Para a irrigação, foi utilizado o sistema de gotejamento, utilizando fitas gotejadoras com vazão de 1,5 L.h<sup>-1</sup>, por meio da qual foi realizada a fertirrigação de acordo com o Anexo B.

As plantas foram conduzidas por 145 dias em casa de vegetação em sistema vertical com haste única até aproximadamente 1,80m de altura, quando foi realizado o desponte (capação) após o 5º cacho. O delineamento experimental utilizado foi em blocos casualizados com três

repetições e quatro plantas por parcela. As desbrotas e manejo fitossanitário ocorreram semanalmente seguindo o manejo recomendado para a cultura. Os frutos foram colhidos quando apresentavam mudança de coloração tendendo ao vermelho/roxo, sendo realizadas 17 colheitas que se estenderam por 85 dias, de 06 de junho a 31 de agosto.

### 2.3 Variáveis analisadas

As variáveis avaliadas foram as seguintes:

- a) **Massa de frutos por planta (PROD, kg.planta<sup>-1</sup>):** Os frutos foram colhidos por parcela, pesados em balança de mesa, sendo a produção padronizada para cinco cachos por planta;
- b) **Massa média dos frutos (MMF, g.fruto<sup>-1</sup>):** Foram amostrados 10 frutos colhidos do terço médio de cada parcela, sendo estes pesados em balança de mesa;
- c) **Comprimento e Diâmetro (C e D, mm):** Foram amostrados 10 frutos colhidos do terço médio de cada parcela, sendo estes mensurados com um paquímetro digital;
- d) **Formato dos frutos (FF):** Obtido pela razão COMP/DIAM;
- e) **Número de frutos por planta (NFP, frutos.planta<sup>-1</sup>):** Os frutos foram colhidos por parcela e contabilizados, sendo a produção padronizada para cinco cachos por planta;
- f) **Sabor, Aparência, Acidez, Doçura, Textura:** Frutos maduros foram disponibilizados para consumo e avaliação espontânea, com livre escolha de genótipos para prova, sendo atribuídas notas de 1 até 9, significando: 1 – desgostou completamente; 9 – gostou completamente. Esta análise espontânea contou com 20 voluntários, de ambos os sexos, com idade variando entre 24 e 60 anos.

A quantificação de antocianinas, licopeno, betacaroteno, sólidos solúveis totais, acidez titulável e *ratio* foram realizadas nas linhagens em trabalho anterior, estando disponíveis em Piotto et al. (2019).

### 2.4 Modelo estatístico da anova individual

As análises de variância (ANOVA) individuais para as variáveis PROD, MMF, NFP, COMP, DIAM e FF foram realizadas a fim de verificar a existência de variação entre os genótipos, incluindo linhagens e híbridos, de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y_{ij} = \mu + g_i + b_j + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

$y_{ij}$  é o valor da observação referente ao genótipo  $i$  no bloco  $j$ ;

$\mu$  é a média geral;

$g_i$  é o efeito fixo do genótipo  $i$ ;

$b_j$  é o efeito fixo do bloco  $j$ ;

$\varepsilon_{ij}$  é o efeito aleatório do erro experimental do genótipo  $i$  no bloco  $j$ , assumindo-se que os erros são independentes e normalmente distribuídos com média zero e variância  $\sigma^2$ .

Para as variáveis Sabor, Aparência, Acidez, Doçura e Textura, foram somente obtidas médias simples acompanhadas do desvio padrão de cada uma. Como referência geral, para as variáveis PROD, MMF, NFP, COMP, DIAM e FF, foi também apresentado o valor de LSD (*Least Significant Difference*), com  $P < 0,05$ .

## 2.5 Análises genético-estatísticas

As variáveis PROD, MMF e NFP foram submetidas à análise de variância (ANOVA) ( $P < 0,05$ ) e agrupamento pelo teste de Scott-Knott ( $P < 0,05$ ). A análise de capacidade combinatória foi realizada de acordo com o modelo proposto por Griffing (1956b), método 2, modelo 1(fixo), devido à natureza amostral dos genitores, como segue:

$$y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + \frac{1}{bc} \sum_k \sum_l e_{ijkl}$$

Este método estima os efeitos das capacidades geral (CGC) e específica (CEC) a partir de um conjunto de  $p$  parentais;  $b$  é o número de blocos,  $c$  é o número de observações por parcela,  $\mu$  é a média geral do experimento,  $g_i$  e  $g_j$  são os efeitos das capacidades geral de combinação do parental  $i$  e  $j$ , respectivamente;  $s_{ij}$  é o efeito da capacidade específica de combinação tal que  $s_{ij} = s_{ji}$ , e  $e_{ijkl}$  é o desvio aleatório associado a cada observação. Neste modelo, os efeitos dos genitores ( $g_i$  e  $g_j$ ) são tratados como fixos, visto que não podem ser considerados amostras representativas de uma população devido ao pequeno número.

Para as análises estatísticas foram utilizados o pacote *lme4* para análise de variância (Bates et al., 2015), o pacote *ScottKnott* (Jelihovschi et al., 2014) para análise de agrupamento de médias e os pacotes *lm.diallel* (Onofri et al., 2021) e *sommer* (Covarrubias-Pazarán, 2016) para estimar as capacidades combinatórias, todos no software R, versão 4.0.5 (R CORE TEAM, 2021)



## 2.6 Análise de correlação de Pearson

Foi realizada a análise de correlação, ao nível de médias, entre todas as variáveis obtidas, através do coeficiente de correlação de Pearson.

$$r(xy) = \frac{cov(x,y)}{\sigma_x \sigma_y}$$

Em que:

$Cov(x,y)$  é a covariância entre os caracteres x e y,

$\sigma_x$  é o desvio padrão do carácter x,

$\sigma_y$  é o desvio padrão do carácter y.

A significância das correlações foi dada pelo *teste t*, ao nível de probabilidade de erro de 5% ( $P < 0,05$ ).

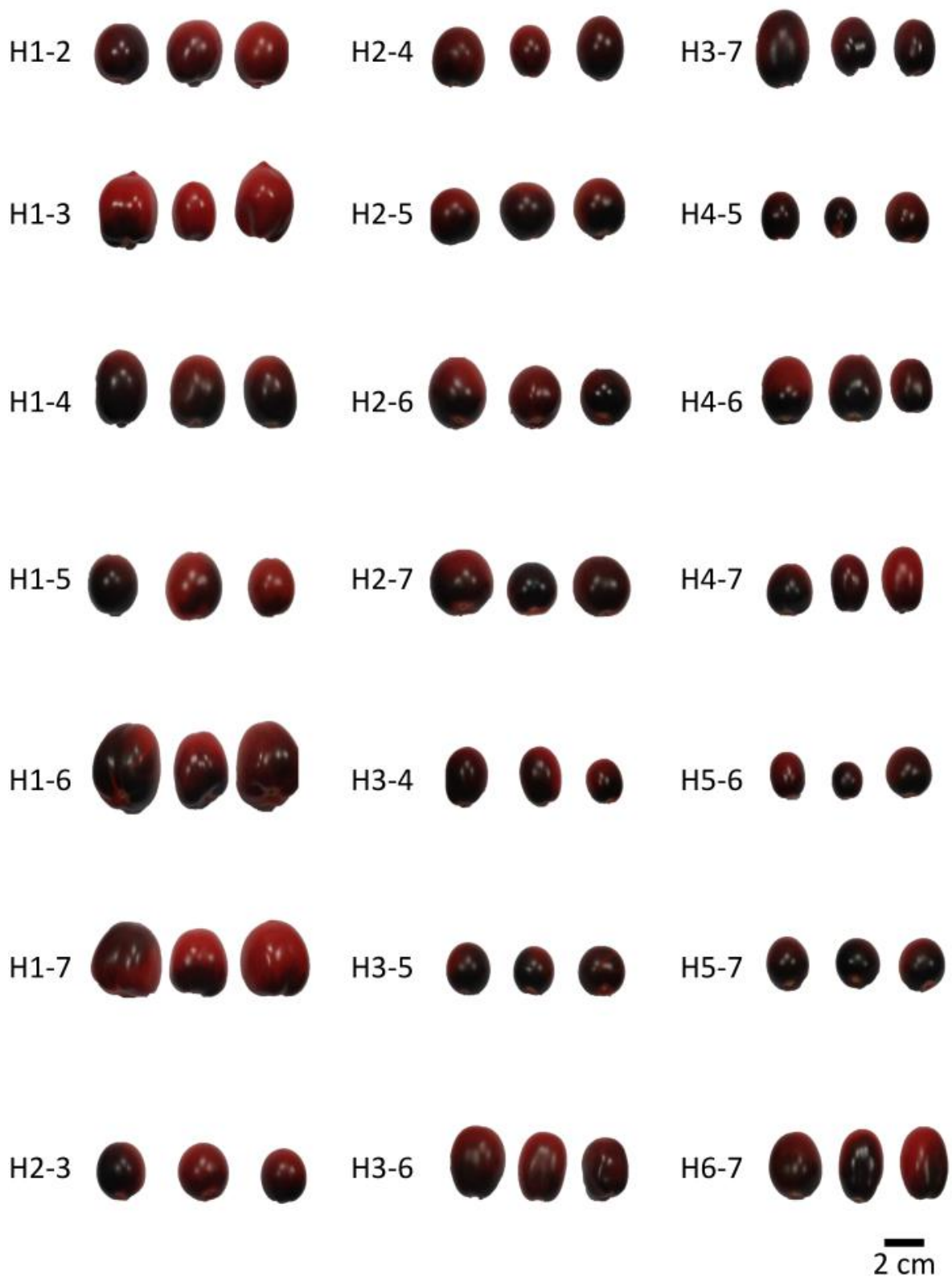
### 3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

#### 3.1 Caracterização geral dos genótipos

As linhagens utilizadas foram desenvolvidas em trabalhos anteriores por nosso grupo de pesquisa e caracterizadas em Piotto et al. (2019) e a morfologia externa de seus frutos pode ser observada no ANEXO C. No entanto, nenhuma combinação híbrida havia ainda sido obtida e caracterizada quantos aos principais aspectos morfoagronômicos. Uma vez obtidos os híbridos, os mesmos foram avaliados juntamente com as linhagens, em ambiente protegido, sendo então coletados os dados. Uma visão geral da morfologia dos frutos é apresentada na figura 1.

Nesta figura, é possível notar que todos os híbridos mantiveram a característica de coloração roxa escura na parte externa dos frutos, provavelmente pelo fato das linhagens terem fixado os três principais alelos que levam ao acúmulo de antocianinas nessa região. Infelizmente, devido às limitações da rotina de trabalho impostas pela pandemia, não foi possível quantificar a concentração de antocianinas nos frutos, prevista para ser realizada em parceria com outro laboratório na Esalq/USP. Contudo, a análise de antocianinas nos frutos, assim como a concentração de licopeno, betacaroteno, sólidos solúveis totais e acidez titulável, estão previstas para serem realizadas assim que possível, a partir de amostras armazenadas em freezer -20 °C.

Por esse motivo, a caracterização das linhagens e híbridos foi realizada com base nas variáveis Produção de frutos por planta (PROD,  $\text{kg.planta}^{-1}$ ), Número de frutos por planta (NFP,  $\text{número.planta}^{-1}$ ), Massa média de fruto (MMF,  $\text{g.fruto}^{-1}$ ), Diâmetro de fruto (D, mm), Comprimento de fruto (C, mm), Fator de Forma (FF,  $C/D$ ); sendo que a estimativa da capacidade combinatória das linhagens foi realizada para PROD, NFP e MMF, consideradas as variáveis agronômicas mais importantes nesse caso.



**Figura 1.** Morfologia externa geral dos frutos de híbridos de tomate cereja roxo.

Para a caracterização geral, foi então realizada a análise de variância (ANOVA) univariada e o agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott (Scott & Knott, 1974) para os caracteres descritos acima, considerando conjuntamente todos os genótipos (linhagens e híbridos). Na tabela 1, é apresentado um resumo da análise de variância para as variáveis agrônômicas dos genótipos deste estudo.

**Tabela 1.** Resumo da análise de variância para os caracteres Produção de frutos por planta (PROD, kg.planta<sup>-1</sup>), Número de frutos por planta (NFP, número.planta<sup>-1</sup>), Massa média de fruto (MMF, g.fruto<sup>-1</sup>), Diâmetro de fruto (D, mm), Comprimento de fruto (C, mm), Fator de Forma (FF, C/D), para 28 genótipos (sete linhagens e 21 híbridos) de tomateiro. Piracicaba-SP, 2021.

F.V.	G.L.	Quadrados Médios					
		PROD	NFP	MMF	D	C	FF
<b>Bloco</b>	2	0,015 <sup>ns</sup>	747,97 <sup>ns</sup>	4,09*	18,08 <sup>ns</sup>	23,03*	0,002 <sup>ns</sup>
<b>Genótipo</b>	27	0,256**	1130,7**	23,17**	46,64**	46,48**	0,027**
<b>Erro</b>	53	0,041	363,72	0,99	7,87	7,04	0,0028
<b>C.V. (%)</b>	-	27,33	23,49	27,79	16,89	15,78	9,78

F.V.: fonte de variação, G.L.: graus de liberdade, ns: não significativo, \*: significativo a  $P < 0,05$ , \*\*: significativo a  $P < 0,01$ , C.V. (%): coeficiente de variação.

Na tabela de análise de variância acima, é possível notar que houve diferenças significativas entre os genótipos, para todos os seis caracteres analisados. Os coeficientes de variação relativamente elevados para PROD, NFP e MMF, considerando um experimento realizado em ambiente protegido, foram provavelmente ocasionados pelo número reduzido de plantas na parcela, aumentando algumas diferenças entre blocos, não chegando a prejudicar a qualidade das análises.

Uma vez identificadas diferenças significativas entre os genótipos para todas as variáveis estudadas, são apresentadas as médias individuais e gerais na tabela 2, agrupando as mesmas pelo teste de Scott-Knott, a fim de ter uma referência do comportamento dos genótipos, em relação às linhagens e entre os próprios híbridos. Comparações restritas entre genótipos não foram o objetivo do trabalho neste momento, não sendo realizados testes de comparação de médias, embora sejam apresentados valores de LSD como referência para eventuais comparações.

**Tabela 2.** Médias e análise de agrupamento de médias por Scott-Knott para os caracteres Produção de frutos por planta (PROD, g.planta<sup>-1</sup>), Número de frutos por planta (NFP), Massa média de fruto (MMF, g), Diâmetro de fruto (D, mm), Comprimento de fruto (C, mm), Fator de Forma (FF), para 28 genótipos (sete linhagens e 21 híbridos) de tomateiro. Piracicaba-SP, 2021.

Genótipo	PROD	NFP	MMF	D	C	FF
L1	1,70 a	91,60 b	18,57 a	38,28 a	35,86 a	0,93 d
L2	0,90 d	106,37 b	8,46 f	25,77 c	25,29 b	0,98 d
L3	1,07 c	91,43 b	11,64 d	30,90 b	33,39 a	1,08 c
L4	0,70 d	110,22 b	6,39 g	20,77 c	26,74 b	1,29 a
L5	0,69 d	129,7 b	5,29 g	20,72 c	20,88 b	1,01 c
L6	1,08 c	160,08 a	6,76 g	23,93 c	24,99 b	1,05 c
L7	1,50 b	133,03 b	11,27 d	32,84 b	34,68 a	1,06 c
H1-2	1,22 c	120,56 b	10,17 e	27,45 c	25,40 b	0,92 d
H1-3	1,45 b	111,47 b	13,12 c	30,13 b	31,44 a	1,04 c
H1-4	1,69 a	143,62 a	11,71 d	26,51 c	30,38 a	1,14 b
H1-5	1,35 b	134,86 a	10,06 e	29,68 b	29,93 a	1,01 c
H1-6	1,68 a	124,25 b	13,59 c	34,77 a	34,72 a	1,01 c
H1-7	1,65 a	108,19 b	15,32 b	31,73 b	33,19 a	1,04 c
H2-3	1,07 c	106,71 b	10,18 e	25,85 c	24,38 b	0,94 d
H2-4	1,21 c	121,23 b	9,98 e	24,50 c	25,65 b	1,05 c
H2-5	1,09 c	131,61 b	8,47 f	24,71 c	23,86 b	0,96 d
H2-6	1,60 a	155,08 a	10,39 e	26,80 c	26,96 b	1,01 c
H2-7	1,33 b	117,80 b	11,32 d	26,64 c	27,64 b	1,04 c
H3-4	1,19 c	130,06 b	9,08 f	24,09 c	27,67 b	1,15 b
H3-5	1,09 c	127,31 b	8,64 f	25,95 c	26,39 b	1,02 c
H3-6	1,37 b	125,50 b	10,95 d	26,83 c	31,30 a	1,17 b
H3-7	1,85 a	146,12 a	12,69 c	28,25 c	31,91 a	1,13 b
H4-5	1,10 c	165,89 a	6,67 g	22,70 c	24,46 b	1,07 c
H4-6	1,34 b	121,30 b	11,08 d	25,58 c	31,87 a	1,25 a
H4-7	1,31 b	120,00 b	11,08 d	25,55 c	31,77 a	1,24 a
H5-6	1,37 b	153,68 a	8,91 f	24,79 c	25,88 b	1,04 c
H5-7	1,32 b	155,79 a	8,50 f	25,76 c	24,98 b	0,97 d
H6-7	1,61 a	143,35 a	11,29 d	26,28 c	29,75 a	1,13 b
<b>Média Geral</b>	<b>1,30</b>	<b>128,10</b>	<b>10,41</b>	<b>27,05</b>	<b>28,62</b>	<b>1,06</b>
<b>Média L</b>	<b>1,09</b>	<b>117,5</b>	<b>9,76</b>	<b>27,60</b>	<b>28,83</b>	<b>1,06</b>
<b>Média H</b>	<b>1,37</b>	<b>131,63</b>	<b>10,62</b>	<b>26,88</b>	<b>25,29</b>	<b>1,06</b>
<b>LSD</b>	<b>0,33</b>	<b>31,26</b>	<b>1,64</b>	<b>4,59</b>	<b>4,35</b>	<b>0,09</b>

Médias seguidas de mesmas letras minúsculas pertencem ao mesmo grupo, pelo teste de Scott-Knott ( $P < 0,05$ ).

Como observado na tabela 2, de maneira geral, a média dos híbridos superou a média dos genitores para MMF (0,86 g.fruto<sup>-1</sup>), NFP (14,13 frutos.planta<sup>-1</sup>) e PROD (0,28 kg.planta<sup>-1</sup>). Para a variável PROD, a tabela 2 revela que os híbridos mostraram incremento 0,28 kg.planta<sup>-1</sup> em média, quando comparados com as linhagens, o que é um valor relevante, pois representa aproximadamente 25,7% a mais em produção de frutos por planta. O agrupamento de médias mostrou que os híbridos H1-4, H1-6, H1-7, H2-6, H3-7 e H6-7, além da linhagem L1, tiveram maior rendimento de frutos (PROD), variando de 1,60 kg.planta<sup>-1</sup> a 1,70 kg.planta<sup>-1</sup>. É interessante notar que o primeiro grupo foi constituído basicamente pelos híbridos contendo somente uma linhagem. A linhagem L1 provavelmente apresentou maior produção, compatível à produção dos híbridos, por conta de ter a maior massa de frutos, o maior diâmetro e maior comprimento, ou seja, por possuir os maiores frutos. O segundo maior grupo de médias variou de 1,31 a 1,50 kg.planta<sup>-1</sup>, o que ainda assim representa um desempenho satisfatório, especialmente para tomateiros do grupo 'cereja' e considerando que a produção foi corrigida para 5 racemos por planta, e que a planta em condições de cultivo comercial apresenta potencial para produzir mais de 15 racemos, em média.

Para NFP, o híbrido H4-5 mostrou desempenho superior aos demais genótipos avaliados, com 165,89 frutos.planta<sup>-1</sup>. O grupo de maiores médias apresentou variação de 134,86 a 165,89 frutos.planta<sup>-1</sup>, cujas médias incluíram oito híbridos e apenas uma linhagem (L6), o que indica que os híbridos, em geral, apresentaram melhor performance para esta característica. A diferença entre as médias dos híbridos e dos parentais (14,13 frutos.planta<sup>-1</sup>) fornece evidência adicional do sucesso do direcionamento das combinações para incremento desta característica. Dentre os genitores, L6 diferiu significativamente dos demais (160,08 frutos.planta<sup>-1</sup>), o que possivelmente deve estar relacionado ao comprimento de seus racemos, muito superior aos demais genótipos avaliados (dados não apresentados).

Para MMF, obteve-se o maior valor para a L1, com média de 18,57 g.fruto<sup>-1</sup>, o que já era esperado, pois a linhagem L1 havia sido selecionada para compor os cruzamentos visando aumentar o tamanho dos frutos. Como já se poderia esperar, a segunda maior média de MMF foi observada no híbrido H1-7 (15,32 g.fruto<sup>-1</sup>), seguida pelos híbridos H1-3, H1-6 e H3-7. Nota-se que, dos quatro híbridos com maiores médias, três possuem a linhagem L1 como genitora, o que é um indicativo de que esta linhagem possui alelos favoráveis para aumentar a massa de frutos.

Quando ao D, os genótipos L1 e H1-6 apresentam as maiores médias (38,28 e 34,77 mm, respectivamente), seguidos de L7, H1-7 e L3, nos quais as médias variaram de 30,9 a 32,83 mm. Para comprimento dos frutos, os genótipos L1, H1-6, L7, L3, H1-7, H3-7, H4-6 e H4-7 tiveram desempenho superior aos demais, variando de 31,76 a 35,86 mm de comprimento. Para esta

variável, ainda notamos que a média dos híbridos foi mais de 10 mm menor que a média das linhagens.

Em relação ao formato do fruto (FF), a média dos híbridos e linhagens foi idêntica. Entretanto, os híbridos H4-6 e H4-7 apresentaram valores de FF (1,25 a 1,24, respectivamente), não diferindo entre si. Vale lembrar que, em trabalhos anteriores, as seleções foram realizadas de modo a priorizar o formato mais alongado das linhagens. Assim, os híbridos H4-6 e H4-7 se destacaram, mesmo não estando entre as maiores médias para C e D. Apesar de avaliados neste estudo, as magnitudes de variação de C e D são secundárias e correlacionadas com a MMF, sendo mais importante considerar o FF associado MMF e PROD para cada genótipo. Dessa forma, mais adiante, somente as variáveis PROD, NFP e MMF serão consideradas para obtenção das capacidades combinatórias.

### **3.2 Avaliação espontânea para caracteres sensoriais**

Esta avaliação trata-se de uma caracterização geral sobre a percepção de um grupo de voluntários em relação ao sabor (SABOR), doçura (DOC), acidez (AC), aparência (AP) e textura (T) dos frutos, em avaliação espontânea. Ou seja, não foi estruturado nenhum desenho experimental ou critérios rigorosos para esta avaliação. Esta avaliação espontânea se deu por meio de voluntários de nossa própria equipe de trabalho que participaram e contribuíram no projeto, com o objetivo de identificar de forma prática e rápida, genótipos potencialmente superiores e inferiores em relação à percepção gustativa e de aparência dos frutos. Por esse motivo, tal análise não vem acompanhada de referências para comparação estatística, pois o objetivo é apresentar uma caracterização geral para esses atributos, os quais constam da tabela 3.

**Tabela 3.** Médias das cinco variáveis sensoriais (Sabor, SABOR; Doçura, DOC; acidez, AC; aparência, AP; e textura, T) para cada híbrido de acordo com a escala hedônica (onde 1: desgostou completamente; e 9: gostou completamente)

Híbrido	SABOR	DOC	AC	AP	T
1-2	6,83	7,17	5,83	7,00	7,50
1-3	5,50	5,50	5,00	5,50	6,00
1-4	6,86	6,43	6,00	7,00	7,00
1-5	7,20	4,60	6,60	8,00	7,60
1-6	5,20	5,00	4,80	6,00	6,20
1-7	6,80	6,60	5,60	7,80	6,80
2-3	7,20	7,20	6,00	8,40	7,60
2-4	6,75	6,75	5,00	7,75	7,25
2-5	7,13	5,88	5,75	7,50	7,75
2-6	7,14	5,57	5,57	8,43	6,86
2-7	7,43	7,57	7,00	8,43	8,71
3-4	6,33	6,17	7,00	8,33	7,50
3-5	7,25	6,88	6,38	7,75	7,88
3-6	5,67	4,67	4,67	6,33	5,50
3-7	6,86	6,71	6,14	7,86	6,43
4-5	6,80	7,20	7,80	7,60	7,00
4-6	8,40	7,20	6,60	8,60	8,20
4-7	6,60	5,80	4,80	6,80	5,60
5-6	6,78	6,44	4,89	7,78	7,00
5-7	8,00	7,67	6,83	8,67	7,50
6-7	7,75	7,75	6,25	7,25	8,50
<b>Média</b>	<b>6,88</b>	<b>6,42</b>	<b>5,93</b>	<b>7,56</b>	<b>7,16</b>
<b>D.P.</b>	<b>0,77</b>	<b>0,95</b>	<b>0,87</b>	<b>0,87</b>	<b>0,87</b>

D.P.: Desvio Padrão da Média

Com base nos dados apresentados na tabela 3, é possível notar que praticamente todos os híbridos receberam notas elevadas para aparência e textura. De fato, a principal inovação destes genótipos é a coloração roxa externa, que chama muito a atenção e desperta o interesse das pessoas que tiveram oportunidade de ver estes materiais presencialmente. Já a avaliação com notas mais altas para a textura, provavelmente se deve ao fato dos frutos serem pequenos,



podendo ser consumidos inteiros, o que dá uma sensação de firmeza e textura agradável, conforme relataram alguns voluntários (dados não apresentados).

Já as características SABOR, DOC e AC variaram mais entre os genótipos, mostrando que alguns agradaram mais do que outros, entre os voluntários. De maneira geral, a percepção do sabor é derivada da combinação entre doçura e acidez, de modo que se espera que estas características estejam correlacionadas. Para a variável SABOR foi constatada uma amplitude de 3,2 pontos nas notas (H4-6 = 8,40 e H1-6 = 5,30), sendo que híbrido H4-6 ficou com nota média geral próxima à nota máxima. Já as variáveis DOC e AC apresentaram amplitudes um pouco menores em relação às notas (DOC = 3,15 e AC = 3,13), mostrando também médias mais baixas quando comparadas com a média de SABOR. No caso da AC, já era esperada a menor média, pois os genótipos foram selecionados em trabalhos anteriores para terem sabor menos ácido e suave. Enfim, de maneira geral, parece haver algum nível de correlação entre as características sensoriais que poderiam indicar uma delas como sendo a mais representativa. Por esse motivo, na sequência foi realizada a análise de correlação de caracteres, ao nível de médias, incluindo as demais variáveis, para se conhecer um pouco melhor sobre o grau de associação destas variáveis.

### **3.3 Análise de associação entre as variáveis estudadas**

Os dados referentes às correlações entre características agronômicas e sensoriais podem ser visualizados na tabela 4. Observa-se, a princípio, coeficientes elevados e significativos de correlação de Pearson entre todas os pares de variáveis sensoriais. Notadamente, a alta correlação entre AP e S ( $r = 0,78$ ,  $P < 0,01$ ) indica que as pessoas podem ser influenciadas pela aparência ao determinarem se um genótipo possui melhor Sabor que os demais. Tal associação pode ser espúria, contudo, é um importante indicativo que a aparência diferenciada dos frutos destes híbridos podem influenciar positivamente os consumidores e deve ser considerada em pesquisas futuras. Chama a atenção também as correlações negativas entre as variáveis DOC x D e DOC x C, o que de certa forma pode ser justificado pela hipótese de que frutos menores possuem a tendência a serem mais doces. Felizmente, a variável PROD não apareceu correlacionada com nenhuma das variáveis sensoriais, indicando que é possível selecionar genótipos mais produtivos e saborosos, com diferentes formatos, de acordo com as demandas de mercado.

**Tabela 4.** Análise de correlação de Pearson para as variáveis sensoriais Sabor (SABOR), Aparência (AP), acidez (AC), Doçura (DOC) e Textura (T) e agronômicas Produção por planta (PROD), número de frutos por planta (NFP), Massa média de fruto (MMF), diâmetro de fruto (D), comprimento de fruto (C) e fator de forma (FF). Piracicaba-SP, 2021.

	SABOR	AP	AC	DOC	T	PROD	NFP	MMF	D	C	FF
SABOR	-	>0,01	0,01	>0,01	>0,01	0,43	0,30	0,13	0,04	0,09	0,96
AP	<b>0,78</b>	-	>0,01	0,02	>0,01	0,29	0,29	0,08	0,04	0,03	0,69
AC	<b>0,58</b>	<b>0,61</b>	-	0,01	>0,01	0,23	0,11	0,04	0,08	0,11	0,88
DOC	<b>0,67</b>	<b>0,51</b>	<b>0,54</b>	-	>0,01	0,42	0,61	0,32	0,04	0,05	0,73
T	<b>0,76</b>	<b>0,64</b>	<b>0,65</b>	<b>0,64</b>	-	0,16	0,85	0,14	0,14	0,04	0,29
PROD	-0,18	-0,24	-0,27	-0,18	-0,32	-	0,50	>0,01	>0,01	>0,01	0,25
NFP	0,24	0,24	0,35	0,12	0,04	0,16	-	0,01	0,09	0,17	0,93
MMF	-0,34	-0,39	<b>-0,46</b>	-0,23	-0,33	<b>0,74</b>	<b>-0,53</b>	-	>0,01	>0,01	0,42
D	<b>-0,46</b>	<b>-0,46</b>	-0,39	<b>-0,45</b>	-0,33	<b>0,61</b>	-0,38	<b>0,8</b>	-	>0,01	0,40
C	-0,38	<b>-0,46</b>	-0,36	<b>-0,43</b>	<b>-0,46</b>	<b>0,72</b>	-0,31	<b>0,83</b>	<b>0,71</b>	-	0,01
FF	0,01	-0,09	-0,04	-0,08	-0,24	0,26	0,02	0,19	-0,19	<b>0,55</b>	-

A diagonal inferior indica os valores de cada correlação ao passo que a diagonal superior indica os P-valores obtidos pelo teste t associados a cada correlação. Correlações em negrito e sublinhadas são significativas pelo teste t ( $P < 0,05$ ).

Acima foram apresentadas as principais características para as linhagens e híbridos, em relação aos principais caracteres agronômicos, e algumas variáveis sensoriais para os híbridos. Como o foco principal desta pesquisa é obter combinações híbridas que já possam ser utilizadas como novas cultivares, mas também identificar linhagens que tenham potencial para serem utilizadas como genitoras em nosso programa de melhoramento, é importante estudar com mais detalhes a capacidade de combinação entre as linhagens, considerando as variáveis principais PROD, NFP e MMF, conforme apresentado na sequência.

### 3.4 Capacidade de combinação entre as linhagens de tomate cereja roxo

Para a análise dialélica, a soma de quadrados dos genótipos foi desdobrada em soma de quadrados para a capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC). O teste F da ANOVA indicou significância ( $P < 0,01$ ) para CGC confirmando a ação de componentes genéticos aditivos e epistáticos do tipo aditivo x aditivo na expressão destas características, bem como de componentes genéticos não-aditivos, representados pela CEC, para todos os caracteres (Griffing, 1956a) (Tabela 5). A magnitude dos quadrados médios para CGC, para as três variáveis, foi superior às magnitudes para CEC, o que inicialmente evidencia a predominância de efeitos genéticos aditivos no controle dessas características.

**Tabela 5.** Análise de variância sumarizada das capacidades combinatórias geral (CGC) e específica (CEC) para os caracteres Produção de frutos por planta (PROD, kg.planta<sup>-1</sup>), Massa média de frutos (MMF, g.fruto<sup>-1</sup>), e número de frutos por planta (NFP). Piracicaba-SP, 2021.

F.V.	G.L.	Quadrados Médios		
		PROD	NFP	MMF
CGC ( $g_j$ )	6	0,72**	2621,85**	84,15**
CEC ( $s_{ij}$ )	21	0,12**	705,83*	5,74**
<b>Erro</b>	<b>55</b>	-	-	-

F.V.: fonte de variação, G.L.: graus de liberdade, ns.: Não significativo, \*: significativo a  $P < 0,05$  e \*\*: significativo a  $P < 0,01$  pelo teste F.

Os efeitos de CGC ( $g_j$ ) de cada linhagem genitora para PROD, MMF e NFP encontram-se na tabela 6 abaixo. As estimativas observadas permitem afirmar que há divergência no desempenho dos genitores entre si para todas as variáveis em questão. Para a variável PROD, as estimativas de CGC ( $g_j$ ) foram positivas e significativas para as linhagens L1, L6 e L7, enquanto foram negativas e significativas para as linhagens L2, L4 e L5. A estimativa positiva de CGC para as linhagens L1, L6 e L7 indica que estas quando combinadas com as demais aqui utilizadas, proporcionam um incremento na produção de frutos, devido ao seu componente genético aditivo, ou seja, a concentração de alelos de efeito aditivo que contribui para aumentar a produção de frutos por planta.

Se o objetivo do melhoramento for aumentar a produção de frutos por planta, o ideal é selecionar as linhagens com estimativas de  $g_j$  positiva para direcionar os cruzamentos, pois esta característica está intimamente ligada à produtividade. No entanto, cabe ressaltar que a produtividade não é o único parâmetro no que diz respeito à seleção de genótipos, visto que é preciso que sejam atendidas exigências específicas ao segmento de tomate cereja, como atributos sensoriais, resistência a doenças, ciclo, formato de frutos adequado e doçura e acidez equilibrados.

**Tabela 6.** Estimativas de CGC ( $g_i$ ) para os caracteres produção de frutos por planta (PROD,  $\text{kg.planta}^{-1}$ ), Massa média de fruto (MMF,  $\text{g.fruto}^{-1}$ ), e Número de frutos por planta (NFP,  $\text{frutos.planta}^{-1}$ ). Piracicaba-SP, 2021.

<b>Linhagens</b>	<b>PROD</b>	<b>MMF</b>	<b>NFP</b>
<b>L1</b>	0,19**	2,71**	-10,39*
<b>L2</b>	-0,13**	-0,65**	-6,85 <sup>ns</sup>
<b>L3</b>	-0,04 <sup>ns</sup>	0,39 <sup>ns</sup>	-9,81*
<b>L4</b>	-0,11**	-1,08**	0,71 <sup>ns</sup>
<b>L5</b>	-0,19**	-2,43**	13,07**
<b>L6</b>	0,10*	-0,08 <sup>ns</sup>	10,84**
<b>L7</b>	0,18*	1,13**	2,42 <sup>ns</sup>

ns.: Não significativo; \*: significativo a  $P < 0,05$  e \*\*: significativo a  $P < 0,01$  pelo teste t.

Para MMF, a CGC teve valores significativos para as linhagens L1, L2, L4, L5 e L7, sendo que as linhagens L1 e L7 tiveram estimativas positivas, com incremento médio da massa do fruto em 2,71 e 1,13  $\text{g.fruto}^{-1}$ , respectivamente, nos híbridos gerados a partir destas. As linhagens L2, L4 e L5, por sua vez, geraram híbridos com frutos de menor massa, em média com 0,65, 1,08 e 1,43  $\text{g.fruto}^{-1}$  respectivamente. Nota-se que, para as linhagens L1, L2, L4, L5 e L7, estimativas de CGC para PROD ocorreram na mesma direção que as estimativas de MMF, o que de certa forma é um indicativo de que aumentos na PROD estejam relacionados ao aumento em MMF, e vice-versa, fato que pode ser reforçado com a alta correlação ( $r = 0,74$ ,  $p < 0,01$ ) entre estas variáveis (tabela 4).

Para NFP, a CGC variou de -10,39 a 13,07, sendo que as linhagens L5 e L6 tiveram maiores valores positivos e levaram a um incremento da ordem de 13,07 e 10,84  $\text{frutos.planta}^{-1}$  em seus híbridos, respectivamente, colocando-as como promissoras em cruzamentos com vista ao aumento do NFP. Por sua vez, L1 e L3 levaram a um decréscimo significativo da média dos híbridos nas quais participam (10,39 e 9,81  $\text{frutos.planta}^{-1}$ , respectivamente). O NFP é uma das características principais na seleção tanto de genitores quanto de híbridos e, nesse sentido, a seleção de parentais deve priorizar linhagens com maior CGC para esta variável, por estar altamente relacionada à produtividade e ao rendimento comercial para o produtor. Para todas as variáveis sob estudo, os genitores com maiores CGC são aqueles que apresentam acúmulo de genes favoráveis ao incremento da característica e seriam, portanto, os mais indicados à seleção para programas de melhoramento. Com relação às CEC, somente algumas poucas combinações entre as linhagens mostraram efeito significativo (tabela 7).

**Tabela 7.** Estimativas da CEC ( $s_{ij}$ ) para caracteres Produção de frutos por planta (PROD, kg.planta<sup>-1</sup>) massa média de fruto (MMF, g.fruto<sup>-1</sup>) e Número de frutos por planta (NFP, frutos.planta<sup>-1</sup>) de cada combinação híbrida. Piracicaba, 2021.

Híbridos	PROD	MMF	NFP
H1-2	-0,17	-2,39**	8,18
H1-3	-0,04	-0,49	2,06
H1-4	0,26*	-0,43	23,68*
H1-5	0,01	-0,73	2,56
H1-6	0,04	0,45	-5,82
H1-7	-0,05	0,97	-13,45
H2-3	-0,09	-0,06	-6,23
H2-4	0,11	1,20*	-2,25
H2-5	0,07	1,04	-4,23
H2-6	0,30*	0,63	21,46*
H2-7	-0,05	0,33	-7,39
H3-4	0,01	-0,74	9,54
H3-5	-0,01	0,17	-5,56
H3-6	-0,03	0,13	-5,14
H3-7	0,37**	0,66	23,89*
H4-5	0,06	-0,33	22,48*
H4-6	0,02	1,74**	-19,87*
H4-7	-0,08	0,52	-12,75
H5-6	0,13	0,91	0,14
H5-7	-0,002	-0,71	10,67
H6-7	-0,003	-0,27	0,46

\*: significativo a  $P < 0,05$  e \*\*: significativo a  $P < 0,01$  pelo teste t.

Foram obtidos valores positivos e negativos de  $s_{ij}$  para as três variáveis em estudo. Quanto à PROD, os híbridos H1-4, H2-6 e H3-7 se destacaram com os maiores valores significativos positivos de CEC, o que mostra que há um efeito de complementariedade genética entre os genitores em direção aos híbridos com maior PROD. A combinação H3-7 apresentou o maior valor positivo de CEC para esta característica dentre todas as combinações (0,37), seguido por H2-6 e H1-4 (0,30 e 0,26, respectivamente). Estes híbridos, de fato, estão inclusos no grupo de maiores médias para PROD (tabela 2), o que de certa forma era esperado, já que L1, L2 e L7 apresentaram CGC positiva e significativa, ou seja, possuem valor genético aditivo positivo. De

posse das estimativas de CEC, observamos que o desempenho superior destes híbridos também pode estar relacionado à heterose e/ou complementariedade genética entre os genitores envolvidos, e não somente devido a efeitos aditivos.

Os maiores valores positivos significativos da CEC para MMF foram observados para as combinações H2-4 e H4-6 (1,2 e 1,74) (tabela 7). É interessante notar que todos os genitores envolvidos nestes cruzamentos (L2, L4 e L6) apresentaram valor negativo da CGC para esta característica, o que é um indicativo de que, no geral, estas linhagens tendem a produzir híbridos com frutos de menor massa. No entanto, aqui nota-se que os maiores valores da CEC foram observados em combinações destes mesmos parentais, o que mostra que efeitos genéticos não-aditivos também contribuem significativamente na expressão da MMF.

No que se refere ao NFP, o maior valor de CGC foi observado para a combinação H1-4 (27,54), seguido por H5-7 (23,84) e H2-6 (20,11). Cabe destacar que os genitores L5 e L6 tiveram coeficientes positivos de CGC para esta característica, o que não foi observado para L1 e L2. Visto que dois dos três híbridos de melhor desempenho para este atributo envolvem estas linhagens (H1-4 e H2-6), pode-se interpretar que há efeitos não-aditivos envolvidos no controle da característica, e por isso é pouco viável que haja uma predição acurada do desempenho dos híbridos com base nas características dos genitores para este atributo.

Enfim, de maneira geral foi possível constatar que a presença e a magnitude do componente aditivo das linhagens avaliadas, de acordo com cada característica estudada, tornam as mesmas boas genitoras para cruzamentos e desenvolvimento de novas linhagens de coloração roxa e desempenho superior. Algumas combinações específicas entre linhagens também mostraram a importância dos efeitos não-aditivos, por meio da boa complementação entre determinados pares, evidenciando que há possibilidade de explorar a heterose em combinações híbridas, o que é bastante importante e relevante do ponto de vista comercial. De maneira geral, com base nos avaliações e resultados deste trabalho, são apresentadas as seguintes conclusões abaixo.



#### 4. CONCLUSÃO

Com base nos estudos realizados neste trabalho, envolvendo a avaliação e caracterização de linhagens e híbridos de tomate cereja roxo, são apresentadas as seguintes conclusões:

- Foram observadas diferenças entre significativas entre os genótipos estudados, em relação aos caracteres morfoagronômicos;

- Os híbridos H1-4, H1-6, H1-7, H2-6, H3-7 e H6-7 foram aqueles que apresentaram maior rendimento em PROD, o que aparentemente se deu pelas combinações entre linhagens com maior número de frutos e maior massa média, sendo estes híbridos potenciais candidatos a novas cultivares;

- Todas as linhagens apresentaram CGC significativa para ao menos uma das variáveis estudadas na análise dialélica. Isso indica que há efeitos aditivos importantes que podem ser explorados em novos programas de melhoramento utilizando essas linhagens, com destaque para as linhagens L1 e L7, que se mostraram promissoras para aumentar tanto a produção como a massa média dos frutos, nos cruzamentos em que elas foram utilizadas;

- Poucas combinações entre linhagens mostraram CEC significativas e no sentido desejado de acordo com cada variável, sendo estes os híbridos H1-4, H2-6 e H3-7 para PROD, os híbridos H2-4 e H4-6 para MMF e os híbridos H1-4, H5-7 e H2-6 para NFP.





## REFERÊNCIAS

- Andrade MC, Silva AA da, Conrado TV, Maluf WR, Andrade TM, Oliveira CM de (2014). Combining ability of tomato lines in saladette-type hybrids. **Bragantia**, *73*(3), 237–245. <https://doi.org/10.1590/1678-4499.0039>
- Bai Y, Lindhout P (2007). Domestication and Breeding of Tomatoes : What have We Gained and What Can We Gain in the Future ? **Annals of Botany**, *100*, 1085–1094. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm150>
- Barone A, Chiusano ML, Ercolano MR, Giuliano G, Grandillo S, Frusciante, L (2008). Structural and Functional Genomics of Tomato. **Int J Plant Genomics**. <https://doi.org/10.1155/2008/820274>
- Bates D, Mächler M, Bolker BM, Walker SC (2015). Fitting linear mixed-effects models using lme4. **Journal of Statistical Software**, *67*(1). <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
- Bergougnoux V (2014). The history of tomato : From domestication to biopharming. **Biotechnology Advances**, *32*(1), 170–189. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2013.11.003>
- Bhatt RP, Biswas VR, Kumar N (2001). Heterosis, combining ability and genetics for vitamin C, total soluble solids and yield in tomato (*Lycopersicon esculentum*) at 1700 m altitude. **J Agric Sci**, *137*(1), 71–75. <https://doi.org/10.1017/s0021859601008838>
- Bovy A, Vos R de, Kemper M, Schijlen E, Pertejo A, Muir S, Collins G, Robinson S, Verhoeven M, Hughes S, Santos-buelga C (2002). High-Flavonol Tomatoes Resulting from the Heterologous Expression of the Maize Transcription Factor Genes LC and C1. **The Plant Cell**, *14*(October), 2509–2526. <https://doi.org/10.1105/tpc.004218.growth>
- Butelli E, Titta L, Giorgio M, Mock HP, Matros A, Peterek S, Schijlen EGWM, Hall RD, Bovy AG, Luo J, Martin, C (2008). Enrichment of tomato fruit with health-promoting anthocyanins by expression of select transcription factors. **Nature Biotechnology**, *26*(11), 1301–1308. <https://doi.org/10.1038/nbt.1506>
- Cappetta E, Andolfo G, Di Matteo A, Barone A, Frusciante L, Ercolano MR (2020). Accelerating tomato breeding by exploiting genomic selection approaches. **Plants**, *9*(9), 1–14. <https://doi.org/10.3390/plants9091236>
- Castañeda-Ovando A, Pacheco-Hernández M de L, Páez-Hernández ME, Rodríguez JA, Galán-Vidal CA (2009). Chemical studies of anthocyanins: A review. **Food Chemistry**, *113*(4), 859–871. <https://doi.org/10.1016/j.foodchem.2008.09.001>
- Covarrubias-Pazarán G (2016). Genome-Assisted prediction of quantitative traits using the r package sommer. **PLoS ONE**, *11*(6), 1–15. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0156744>
- Davies JN, Hobson GE, McGlasson WB (1981). The constituents of tomato fruit — the influence of environment, nutrition, and genotype. **C R C Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, *15*(3), 205-280. <https://doi:10.1080/10408398109527317>
- DeFelice SL (1995). The nutraceutical revolution: its impact on food industry R&D. **Trends in Food Science & Technology**, *6*(2), 59-61.
- Gonzali S, Mazzucato A, Perata P (2009). Purple as a tomato: towards high anthocyanin tomatoes. **Trends in Plant Science**, *14*(5), 237–241. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2009.02.001>
- Griffing B (1956a). A generalised treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, *10*, 31–50. <https://doi.org/https://doi.org/10.1038/hdy.1956.2>
- Griffing B (1956b). Concept of General and Specific Combining Ability in Relation to Diallel Crossing Systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, *9*(4), 463. <https://doi.org/10.1071/bi9560463>
- Hefferon KL (2015). Nutritionally enhanced food crops; progress and perspectives. **Int J Mol Sci**, *16*(2), 3895–3914. <https://doi.org/10.3390/ijms16023895>

- IBGE. (2021). Indicadores IBGE - Levantamento Sistemático da Produção Agrícola, Estatística da Produção Agrícola. **IBge**, 95. <https://biblioteca.ibge.gov.br/index.php/biblioteca-catalogo?view=detalhes&id=72415>
- Jelihovschi E, Faria JC, Allaman IB (2014). ScottKnott: A Package for Performing the Scott-Knott Clustering Algorithm in R. **TEMA (São Carlos)**, 15(1), 003. <https://doi.org/10.5540/tema.2014.015.01.0003>
- Jones CM, Mes P, Myers JR (2003). Characterization and Inheritance of the Anthocyanin fruit (Aft) Tomato. **Journal of Heredity**, 94(6), 449–456. <https://doi.org/10.1093/jhered/esg093>
- Khoo, HE, Azlan A, Tang ST, Lim SM (2017). Anthocyanidins and anthocyanins: Colored pigments as food, pharmaceutical ingredients, and the potential health benefits. **Food and Nutrition Research**, 61(1). <https://doi.org/10.1080/16546628.2017.1361779>
- Kist BB, Carvalho C, Beling RR (eds)(2021). Anuário Brasileiro de Horti & Fruti. Ed. **Gazeta**, 104. [https://www.editoragazeta.com.br/sitewp/wp-content/uploads/2021/04/HORTIFRUTI\\_2021.pdf](https://www.editoragazeta.com.br/sitewp/wp-content/uploads/2021/04/HORTIFRUTI_2021.pdf)
- Lin T, Zhu G, Zhang J, Xu X, Yu Q, Zheng Z, Huang, S. (2014). Genomic analyses provide insights into the history of tomato breeding. **Nature Publishing Group**, 46(11). <https://doi.org/10.1038/ng.3117>
- Mather K, Jinks JL (1982). Diallels. Introduction to Biometrical Genetics (pp. 255–291). Chapman and Hall.
- Mayer JE, Pfeiffer WH, Beyer P (2008). **Biofortified crops to alleviate micronutrient malnutrition**. 166–170. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2008.01.007>
- Mes PJ, Boches P, Myers JR, Durst R (2008). Characterization of tomatoes expressing anthocyanin in the fruit. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, 133(2), 262–269. <https://doi.org/10.21273/jashs.133.2.262>
- Miranda FR, Mesquita ALM, Martins MVV, Fernandes CMF, Evangelista MIP, Sousa AAP (2011). Produção de Tomate em Substrato de Fibra de Coco. **Circular Técnica Embrapa**.
- Muir SR, Collins GJ, Robinson S, Hughes S, Bovy A, Ric De Vos CH, Van Tunen AJ, Verhoeven ME (2001). Overexpression of petunia chalcone isomerase in tomato results in fruit containing increased levels of flavonols. **Nature Biotechnology**, 19(5), 470–474. <https://doi.org/10.1038/88150>
- Mulamba NN, Mock JJ (1978). Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egyptian Journal of Genetics and Cytology**, v.7, p.40-57.
- Neela S, Fanta SW (2019). Review on nutritional composition of orange-fleshed sweet potato and its role in management of vitamin A deficiency. **Food Science and Nutrition**, 7(6), 1920–1945. <https://doi.org/10.1002/fsn3.1063>
- Nestel P, Bouis HE, Meenakshi JV, Pfeiffer W (2006). Biofortification of staple food crops. **The Journal of nutrition**, 136(4), 1064-1067.
- Onofri A, Terzaroli N, Russi L (2021). Linear models for diallel crosses: a review with R functions. **Theoretical and Applied Genetics**, 134(2), 585–601. <https://doi.org/10.1007/s00122-020-03716-8>
- Peralta IE, Spooner D (2007). History, Origin and Early Cultivation of Tomato (*Solanaceae*). **Genetic Improvement of Solanaceous Crops**. v.2, p. 1-27.
- Piotto FA, Annicchini V, Oliveira GC, Ueno S (2019). Desenvolvimento e avaliação de linhagens de tomate cereja roxo. **Actas Portuguesas de Horticultura**, N° 33, 435-444.
- R Core Team (2021). R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. <https://www.R-project.org/>.
- Ranc N, Muñoz S, Santoni S, Causse M (2008). Evolutionary history of tomatoes (*Solanaceae*). **BMC Plant Biology** 18, 1–18. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-8-130>

- Razifard H, Ramos A., Valle ALD, Bodary C, Goetz E, Elizabeth J, Li X, Zhang L, Visa S, Tieman D, Van Der Knaap E, Caicedo AL (2020). Genomic Evidence for Complex Domestication History of the Cultivated Tomato in Latin America. **Mol Biol Evol** 37(4), 1118–1132. <https://doi.org/10.1093/molbev/msz297>
- Rick CM, Cisneros P, Chetelat RT, DeVema JW (1994). *Abg-A* gene on chromosome 10 for purple fruit derived from *S. lycopersicoides*. **Tomato Genetics Cooperative Report** 44, 29–30
- Scott AJ, Knott M (1974). A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, 30(3), 507. <https://doi.org/10.2307/2529204>
- Shi J, Le Maguer M (2000). Lycopene in tomatoes: Chemical and physical properties affected by food processing. **Critical Reviews in Biotechnology**, 20(4), 293–334. <https://doi.org/10.1080/07388550091144212>
- Sim SC, van Deynze A, Stoffel K, Douches DS, Zarka D, Ganai MW, Chetelat RT, Hutton SF, Scott JW, Gardner RG, Panthee DR, Mutschler M, Myers JR, Francis DM (2012). High-Density SNP Genotyping of Tomato (*Solanum lycopersicum* L.) Reveals Patterns of Genetic Variation Due to Breeding. **PLoS ONE**, 7(9), 1–18. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0045520>
- Smeriglio, A., Barreca, D., Bellocco, E., & Trombetta, D. (2016). Chemistry, Pharmacology and Health Benefits of Anthocyanins. *Phytotherapy Research, March*, 1265–1286. <https://doi.org/10.1002/ptr.5642>
- Solieman THI, El-Gabry MAH, Abido AI (2013). Heterosis, potence ratio and correlation of some important characters in tomato (*Solanum lycopersicum* L.). **Scientia Horticulturae**, 150, 25–30. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2012.10.024>
- Sprague GF, Tatum LA (1942). General vs. Specific Combining Ability in Single Crosses of Corn. **Agronomy Journal**, 34(10), 923–932. <https://doi.org/10.2134/agronj1942.00021962003400100008x>
- Stewart AJ, Bozonnet S, Mullen W, Jenkins GI, Lean MEJ, Crozier A (2000). **Occurrence of Flavonols in Tomatoes and Tomato-Based Products**. *J Agric Food Chem* 48(7):2663-9. <https://doi.org/10.1021/jf000070p>.
- Stewart CP, Dewey KG, Ashorn P (2010). The undernutrition epidemic: an urgent health priority. **The Lancet**, 375(9711), p. 282. [https://doi.org/10.1016/S0140-6736\(10\)60132-8](https://doi.org/10.1016/S0140-6736(10)60132-8)
- Tanaka Y, Ohmiya A (2008). Seeing is believing: engineering anthocyanin and carotenoid biosynthetic pathways. **Current Opinion in Biotechnology**, 19(2), 190–197. <https://doi.org/10.1016/j.copbio.2008.02.015>
- The tomato Genome Consortium (2012). The tomato genome sequence provides insights into fleshy fruit evolution. **Nature**, 485. <https://doi.org/10.1038/nature11119>
- Velu G, Ortiz-Monasterio I, Cakmak I, Hao Y, Singh RP (2014). Biofortification strategies to increase grain zinc and iron concentrations in wheat. **Journal of Cereal Science**, 59(3), 365–372. <https://doi.org/10.1016/J.JCS.2013.09.001>
- Verhoeyen ME, Bovy A, Collins G, Muir S, Robinson S, Ric De Vos CH, Colliver S (2002). Increasing antioxidant levels in tomatoes through modification of the flavonoid biosynthetic pathway. **Journal of Experimental Botany**, 53(377), 2073–2087. <https://doi.org/10.1093/jxb/erf026>
- WHO – World Health Organization. Malnutrition. Disponível em: <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/malnutrition>. Acesso em 23/11/2021.
- Yordanov M (1983). Heterosis in the tomato. In Frankel R. (ed). **Monographs on Theoretical and Applied Genetics - Heterosis: reappraisal of theory and practice**. (pp. 387–397). Berlin, Springer-Verlag. <https://doi.org/10.2134/1999.geneticsandexploitation.c36>

Yousuf B, Gul K, Wani AA, Singh P (2016). Health Benefits of Anthocyanins and Their Encapsulation for Potential Use in Food Systems: A Review. **Critical Reviews in Food Science and Nutrition**, 56(13), 2223–2230. <https://doi.org/10.1080/10408398.2013.805316>

**ANEXOS****ANEXO A**

<b>Fertilizante</b>	<b>Concentração</b>
Nitrato de Cálcio	0,5 g.L <sup>-1</sup>
Nitrato de Potássio	0,2 g.L <sup>-1</sup>
Sulfato de Magnésio	0,2 g.L <sup>-1</sup>
MAP	0,1 g.L <sup>-1</sup>
Conmicros	0,05 g.L <sup>-1</sup>

Obs.:1º adubação com 10 dias após a semeadura. Demais adubações: Segunda, Quarta e Sexta-Feira. Total: 8 adubações até as mudas estarem prontas

## ANEXO B

Fertilizante	Concentração (g.500L <sup>-1</sup> )		
	Segunda	Quarta	Sexta
Nitrato de Cálcio	435	220	220
Fosfato Monopotássico	102	50	50
Nitrato de Potássio	150	75	75
Sulfato de Potássio	87	45	45
Sulfato de Magnésio	163	85	85
Ferro quelatizado (6% Fe)	25	10	10
Conmicros	15	8	8

Fonte: Adaptado de Miranda et al. (2011) Produção de Tomate em Substrato de Fibra de Coco. Circular Técnica 33, Embrapa, 20 p.

## ANEXO C



Genitor 1



Genitor 2



Linhagem 1



Linhagem 6



Linhagem 2



Linhagem 7



Linhagem 3



Linhagem 8



Linhagem 4



Linhagem 9



Linhagem 5



Linhagem 10