

DISSIMILARIDADE GENÉTICA ENTRE POPULAÇÕES F₂RC₂ DE TOMATEIRO ANÃO DO TIPO SALADETE

Jordana Soares de Jesus¹, Ana Luísa Alves Ribeiro¹, Anna Claudia Gomes Martins¹,
Camila Soares de Oliveira¹, Sara Milena Costa do Carmo¹, Gabriel Maciel
Mascarenhas¹

¹ Universidade Federal de Uberlândia, Monte Carmelo, Minas Gerais
(jordana_soares@ufu.br)

RESUMO: Por se tratar de uma espécie de grande importância econômica, pesquisas tem buscado novas alternativas para aumentar a produtividade no tomateiro (*Solanum lycopersicum*). Há relatos que o uso de plantas anãs tem proporcionado vantagens adicionais em híbridos de plantas normais. No entanto, é escassa a variabilidade genética de plantas anãs do tipo saladete. O estudo da dissimilaridade genética através de análises multivariadas permite ao melhorista identificar populações de interesse a serem utilizadas em programas de melhoramento genético. O experimento foi realizado na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Campus Monte Carmelo, MG. Foram avaliadas quinze populações de tomateiro anão. As variáveis analisadas foram: peso médio de fruto, teor de sólidos solúveis, altura das plantas e comprimento de internódio. A dissimilaridade genética entre as populações foi representada pelo dendrograma obtido pelo método hierárquico UPGMA e pelo método de otimização de Tocher. Pode-se observar importante variabilidade genética entre as populações F₂RC₂ de tomateiro anão do tipo saladete. A característica que mais contribuiu para a dissimilaridade entre as populações de tomateiro anão foi a altura de plantas.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, nanismo, melhoramento de plantas.

INTRODUÇÃO

O tomateiro (*Solanum lycopersicum*) é uma cultura de grande importância no cenário nacional. Muito apreciado por seu sabor, seja *in natura* ou processado, é uma das hortaliças mais consumidas no mundo. O Brasil não só é um grande consumidor de tomate, mas também se trata de um eficiente produtor desta hortaliça. No cenário de tomates para processamento, o país é o 5º maior produtor mundial (EMBRAPA, 2022).

Diante disso, diversas pesquisas têm buscado aumentar a variabilidade genética, e introgressão de genes a partir do uso de plantas anãs em tomateiro (MACIEL *et al.*, 2015; FINZI *et al.*, 2017; OLIVEIRA *et al.*, 2023). De acordo com Oliveira (2023), o potencial das plantas anãs é evidente, e pode proporcionar a introgressão de genes visando várias vantagens agrônomicas, morfológicas, nutricionais e amplo espectro de resistência a pragas.

O estudo da dissimilaridade genética entre genótipos é fundamental para a identificação

da variabilidade dentro de uma espécie, tornando possível a seleção de características desejáveis, além de contribuir para a compreensão e preservação da biodiversidade. Desta forma então, estudos de dissimilaridade genética podem auxiliar melhoristas a definir estratégias de uso e conservação do germoplasma através de análises multivariadas (PERES, 2019).

Portanto, o objetivo desse trabalho foi avaliar a dissimilaridade genética entre populações de tomateiro anão por meio de análises multivariadas.

MATERIAL E MÉTODOS

O experimento foi realizado na Estação Experimental de Hortaliças da Universidade Federal de Uberlândia (UFU), Campus Monte Carmelo, MG (18°42'43,19" S, 47°29'55,8" O e altitude de 873 m). O experimento foi constituído por 15 populações F₂RC₂ de tomateiro anão do tipo saladete: UFU_SDi _17_1, UFU_SDi _10_1, UFU_SDi_ 4_1, UFU_SDi _11_1, UFU_SDi _10_2, UFU_SDi _4_2, UFU_SDi _10_3, UFU_SDi _17_2, UFU_SDi _17_3, UFU_SDi _13_1, UFU_SDi _13_2, UFU_SDi _11_2, UFU_SDi _4_3, UFU_SDi _10_4 e UFU_SDi _11_3.

Essas populações de tomateiro são provenientes do cruzamento entre a linhagem pré-comercial homozigota com padrões de fruto do tipo saladete e plantas normais indeterminadas (UFU TOM 5) ♀ *versus* linhagem anã indeterminada do tipo minitomate (UFU MC TOM1) ♂ (MACIEL *et al.*, 2015). O segundo retrocruzamento (RC₂) foi obtido a partir do cruzamento de plantas anãs previamente selecionadas da geração F₃RC₁ *versus* UFU TOM 5 (Genitor recorrente) seguido de autofecundação.

O experimento foi conduzido em delineamento de blocos casualizados (DBC), com quatro repetições. Foram avaliadas as seguintes variáveis: Peso médio de fruto (PM) (g), teor de sólidos solúveis dos frutos (SS), altura de plantas (AP) e comprimento de internódio (CI).

A distância genética entre as populações de tomateiro anão foi calculada por meio da distância generalizada de Mahalanobis D². A dissimilaridade genética entre os genótipos foi representada através do dendrograma obtido pelo método hierárquico Unweighted Pair-Group Method Using Arithmetic Averages (UPGMA), e método de Otimização de Tocher. A linhade corte para definição dos grupos foi definida a 23,12 % de dissimilaridade, em que foi verificada a mudança abrupta no gráfico. A contribuição relativa das características na dissimilaridade dos genótipos foi determinada pela metodologia de Singh (1981). Todas as análises foram realizadas utilizando o software GENES integrado ao R (CRUZ, 2016).

RESULTADOS E DISCUSSÃO

As populações F₂RC₂ de tomateiro anão do tipo saladete apresentaram dissimilaridade genética com base nas características avaliadas. Pelo método de Otimização de Tocher, as populações foram distribuídas em oito grupos (Tabela 1).

Tabela 1. Dissimilaridade entre populações F₂RC₂ de tomateiro anão do tipo saladete pelo método de otimização de Tocher

Grupo	Genótipos
I	UFU_SDi_17_2; UFU_SDi_13_1; UFU_SDi_11_3
II	UFU_SDi_10_1; UFU_SDi_10_3
	UFU_SDi_17_1; UFU_SDi_17_3
	UFU_SDi_13_2; UFU_SDi_11_1
	UFU_SDi_10_2; UFU_SDi_4_3
	UFU_SDi_4_2; UFU_SDi_10_4
	UFU_SDi_4_1
	UFU_SDi_11_2

Dentre os agrupamentos formados pelo método de otimização de Tocher, as populações UFU_SDi_4_1 e UFU_SDi_11_2 apresentaram maior dissimilaridade genética entres as demais, formando dois grupos com genótipos isolados. O grupo I obtido por esse método reuniu 20% das populações avaliadas, sendo o grupo com maior número de populações similares. Os demais agrupamentos foram constituídos por duas populações.

O dendrograma obtido pelo método UPGMA alocou as populações em seis agrupamentos (Figura 1).

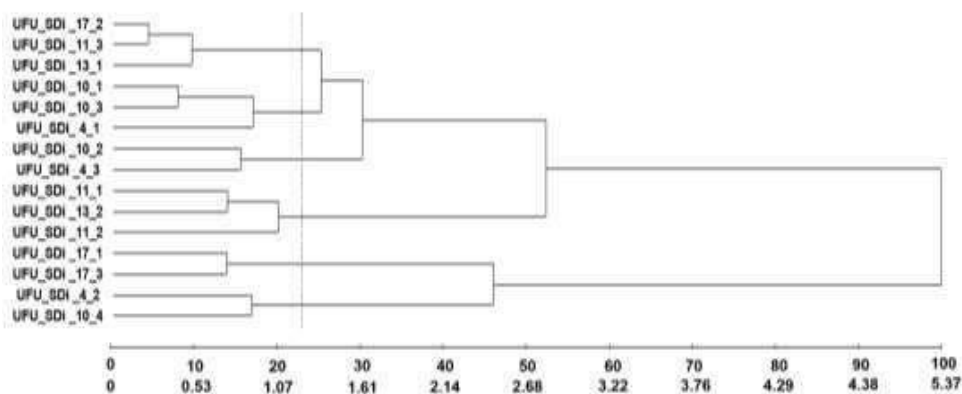


Figura 1. Dendrograma obtido pelo método de agrupamento ligação média entre grupo-UPGMA

Há confiabilidade na representação das dissimilaridades obtidas pelo dendrograma. O valor do coeficiente de correlação cofenética (CCC) observado nesse trabalho foi de 0,70 e significativo pelo teste de $t \alpha= 5\%$. O valor do CCC igual ou superior a 0,70 indica melhor representação da dissimilaridade genética e uma relação adequada entre a distância da matriz e o do dendrograma produzido (CRUZ, 1990).

As populações reunidas nos grupos I, III, V e VI pelo método UPGMA corroboram com os agrupamentos I, II, III e VI obtidos pelo método de Tocher. Esse resultado evidencia que as populações de tomateiro anão são similares dentro do mesmo agrupamento, mas divergentes entre os agrupamentos. As populações de tomateiro anão UFU_SDi_4_1 e UFU_SDi_11_2 ficaram reunidas em dois grupos distintos, juntamente com as populações UFU_SDi_10_1; UFU_SDi_10_3 e UFU_SDi_11_1; UFU_SDi_13_2. Os diferentes métodos de análise multivariada permitem uma adequada interpretação da variabilidade genética e auxiliam o melhorista na tomada de decisão (CRUZ *et al.*, 2014).

Entre as características avaliadas, a altura de planta apresentou maior contribuição para a dissimilaridade entre os genótipos (54,78%), ou seja, apesar das plantas apresentarem porte anão, a altura das plantas é variável entre as populações. Em contrapartida, a característica que menos contribuiu foi o peso médio de fruto (6,35%) (Figura 2).

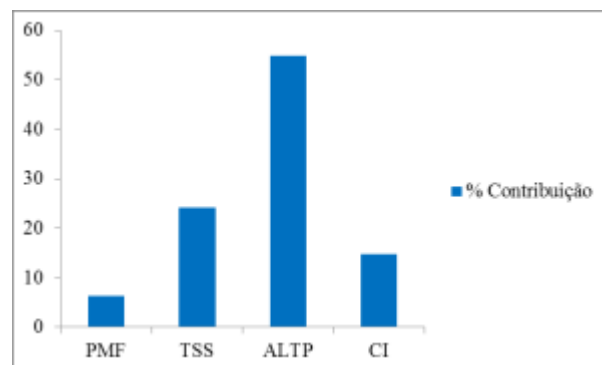


Figura 2. Contribuição relativa (%) de características para a divergência genética.

A contribuição relativa de caracteres classifica variáveis de acordo com sua contribuição para a dissimilaridade genética. Com isso, é possível eliminar variáveis de menor contribuição reduzindo custo e tempo durante as análises (SINGH, 1981).

CONCLUSÕES

Há dissimilaridade genética entre as populações F₂RC₂ de tomateiro anão do tipo saladete.

A característica que mais favoreceu a determinação da dissimilaridade genética entre as populações de tomateiro anão foi a altura de plantas.

AGRADECIMENTOS

Os autores agradecem ao Grupo de Estudos em Melhoramento Genético de Hortaliças (GENHORT); Instituto de Ciências Agrárias (ICIAG); CNPQ CAPES e FAPEMIG.

REFERÊNCIAS

- ABERTURA. **Embrapa**, 2022. Disponível em: <https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/tomate>. Acesso: 29 jul. 2023.
- ALVARENGA, M. A. R. Tomate: produção em campo, em casa-de-vegetação e em hidroponia. Lavras: Editora UFLA, 2013. 455 p.
- 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 Software - extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum. Agronomy**, Maringá, v.38, p.547-552, 2016
- CRUZ, C. D.; FERREIRA, F. M.; PESSONI, L. A. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Editora Suprema, 620p., 2011.
- MACIEL, G.M.; SILVA, E.C.; FERNANDES, M.A.R. Ocorrência de nanismo em planta de tomateiro do tipo grape. **Revista Caatinga**, Mossoró-RN v.28, p. 259-264, 2015.
- OLIVEIRA, Camila Soares de et al. Obtenção e seleção de populações de tomateiro anão do tipo saladete para o desenvolvimento de linhas de introgressão. 2023.
- PEIXOTO, J.V.M.; RIBEIRO, A.L.A.; MACIEL, G.M.; OLIVEIRA, C.S.; FINZI, R. R.; MORAES, E. R. Productivity, acylsugar concentrations and resistance to the two-spotted spider mite in genotypes of salad tomatoes. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, Campina Grande, v.24, p.596-602, 2020. DOI: <https://doi.org/10.1590/1807-1929/agriambi.v24n9p596-602>. Disponível em: <https://www.scielo.br/j/rbeaa/a/Pr6DSFSP5Dr9wkVPr5Yft7C/abstract/?lang=en>. Acesso em: 29 jul. 2023.
- PERES, Hugo Gabriel et al. Dissimilaridade genética entre populações de tomateiro anão do tipo salada. 2019.
- SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetics e Plant Breeding**, New Delhi, v.41, p.237-245, 1981.