



UNIVERSIDADE
ESTADUAL DE LONDRINA

FLÁVIA CRISTINA PANIZZON DINIZ

**CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS DE TOMATEIRO
PORTADORES DE ALELOS DE AMADURECIMENTO E
COLORAÇÃO**

Londrina
2024

FLÁVIA CRISTINA PANIZZON DINIZ

**CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS DE TOMATEIRO
PORTADORES DE ALELOS DE AMADURECIMENTO E
COLORAÇÃO**

Tese de doutorado apresentado à Universidade Estadual de Londrina - UEL, como requisito parcial para a obtenção do título de Doutor em Agronomia.

Orientador: Prof. Dr. Sergio Ruffo Roberto

Coorientador: Prof. Dr. Juliano Tadeu Vilela de Resende

Londrina
2024

Ficha de identificação da obra elaborada pelo autor, através do Programa de Geração Automática do Sistema de Bibliotecas da UEL

Diniz, Flavia Cristina Panizzon.

Caracterização de linhagens de tomateiro portadores de alelos de amadurecimento e coloração / Flavia Cristina Panizzon Diniz. - Londrina, 2024.

145 f. : il.

Orientador: Sergio Ruffo Roberto.

Coorientador: Juliano Tadeu Vilela de Resende.

Tese (Doutorado em Agronomia) - Universidade Estadual de Londrina, Centro de Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Agronomia, 2024.

Inclui bibliografia.

1. Solanum lycopersicum - Tese. 2. Pós colheita - Tese. 3. Tomate extralonga vida - Tese. 4. Índice de seleção - Tese. I. Roberto, Sergio Ruffo. II. de Resende, Juliano Tadeu Vilela . III. Universidade Estadual de Londrina. Centro de Ciências Agrárias. Programa de Pós-Graduação em Agronomia. IV. Título.

CDU 63

FLÁVIA CRISTINA PANIZZON DINIZ

**CARACTERIZAÇÃO DE LINHAGENS DE TOMATEIRO
PORTADORES DE ALELOS DE AMADURECIMENTO E
COLORAÇÃO**

Tese de doutorado apresentado à Universidade Estadual de Londrina - UEL, como requisito parcial para a obtenção do título de Doutor em Agronomia.

BANCA EXAMINADORA

Prof. Orientador Dr. Sergio Ruffo Roberto
Universidade Estadual de Londrina - UEL

Prof. Dr. Inês Cristina de Batista Fonseca
Universidade Estadual de Londrina - UEL

Prof. Dr. Fabio Yamashita
Universidade Estadual de Londrina - UEL

Pesquisador Dr. Keny Henrique Mariguele
Empresa de Pesquisa Agropecuária e Extensão
Rural de Santa Catarina - EPAGRI

Prof. Dr. Wilson Roberto Maluf
Universidade Federal de Lavras – UFLA

Londrina, 11 de outubro de 2024.

AGRADECIMENTOS

A Deus pela coragem para superar mais este desafio;

A minha mãe Adriana pela educação e amor incondicional;

A minha avó Soeli, tias Fernanda e Geovana por todo o cuidado e por sempre me motivarem a buscar meus sonhos;

Aos meus amigos (as) que considero como irmãos (ãs), Mayara, Débora, Paulo Sérgio, Rafaela, Ana Flávia, Elis, Victoria, Letícia, Naiara, Bruna, Jesinei, Gustavo e Cristiane, por estarem ao meu lado em todos os momentos;

Ao professor Juliano, pela confiança, amizade, incentivo e por todos os conhecimentos e conselhos, além de ser uma figura de pai que eu escolhi respeitar e amar;

Ao professor Sérgio, pelos conselhos e paciência nesta caminhada;

Ao professor Maluf, pelas contribuições e concessão do germoplasma utilizado neste trabalho;

Ao pesquisador Dr. Keny, pelas valiosas sugestões e pelas inúmeras trocas de ideias que enriqueceram o trabalho;

À UEL - Universidade Estadual de Londrina, e ao Programa de Pós-graduação em agronomia pela oportunidade de cursar o doutorado e contribuir ricamente em minha formação acadêmica.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pelo auxílio financeiro durante o primeiro ano de curso.

À equipe do LABHOR - Laboratório de hortaliças da UEL, que contribuíram para a execução dessa pesquisa, Leonel, Daniel, Laura, Giane, Luana, Marco Antonio, Gabriel, Júnior, Renato, Gabriela e Matheus.

À Cooperativa Agrária Agroindustrial, em especial ao diretor Sr. Manfred Majowski e a Viviane Schussler, por terem confiado em meu trabalho e tornado realidade o meu sonho de fazer parte da equipe Agrária, com a oportunidade que mudou minha carreira profissional.

Aos meus colegas da FAPA – Fundação Agrária de Pesquisa Agropecuária em especial ao meu gestor Bruno Dandolini pelo acolhimento e compreensão nesta fase, além de todo o incentivo e apoio.

A todos que de alguma forma contribuíram para a execução deste trabalho, que não seria possível sem a colaboração e a inspiração de todos vocês.

MUITO OBRIGADA!

Toda honra e glória á Deus.

DINIZ, Flávia Cristina Panizzon. **Caracterização de linhagens de tomateiro portadores de alelos de amadurecimento e coloração.** 2024, 145f. Tese de doutorado (Agronomia) – Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2024.

RESUMO

A perecibilidade dos frutos de tomateiro associada a ineficiência de armazenamento, ao uso de embalagens inadequadas e a logística de distribuição ineficaz, faz com que, o tomate, ocupe o ranking das principais hortaliças com perdas em pós-colheita. Para reduzir a perecibilidade, as empresas de melhoramento genético e produção de sementes, tem empregado alelos mutantes de amadurecimento (*rin*, *nor* e *nor⁴*) na confecção de híbridos, com o propósito de retardar o amadurecimento, aumentando a vida de prateleira. No entanto, a presença desses alelos, mesmo em heterozigose, afeta negativamente a coloração e sabor dos frutos, reduzindo a preferência do consumidor. Associar genes que melhorem a coloração externa e interna do fruto, como (*ogc* e *hp*), aos mutantes de amadurecimento, tem proporcionado bons resultados para melhoria da qualidade, porém, esses híbridos não estão disponíveis comercialmente. Diante do relatado, propomos nessa pesquisa, avaliar e selecionar potenciais linhagens de tomateiro, com boa adaptabilidade e estabilidade temporal, com background formado por alelos mutantes e genes de pigmentação, com potencial produtivo e qualidade bioquímica superior aos híbridos longa vida disponíveis no mercado. Foram fenotipadas 32 linhagens isogênicas com diferentes backgrounds para mutantes de amadurecimento e genes de pigmentação, além das estimativas de adaptabilidade e estabilidade fenotípica por meio de modelos matemáticos paramétricos e não paramétricos. As linhagens foram cultivadas em estufa com delineamento experimental de blocos casualizados, com 14 repetições. Foram avaliados os componentes de produção e de qualidade de frutos. Para auxiliar na seleção foi aplicado o modelo proposto por Mulamba; Mock (1978) baseado na soma de postos e índice hierárquico dos genótipos. Foram selecionadas nove linhagens, com as melhores plantas dentro de cada grupo de genótipo: normal/crimson; crimson; alcobaça; rin; crimson/alcobaça; crimson/rin; alcobaça/rin e crimson/alcobaça/rin. As estimativas de adaptabilidade e estabilidade foram calculadas pelos modelos propostos por Wricke (1965), Cruz *et al.* (1989), Eberhart; Russel (1966) e Schmidt *et al.* (2011). Os resultados indicaram interação genótipo × ambiente, com linhagens de ampla

adaptabilidade e estabilidade, assim como linhagens com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis e desfavoráveis. As linhagens BPX-477C-25-05-04, BPX-477C-25-27-15 e BPX-477C-25-05-04 foram as mais promissoras sendo ranqueadas como as melhores pelo teste de agrupamento de médias de *Scott Knott*, índice de Mulamba; (Mock, 1978) com adaptabilidade ampla geral, ordenadas nos quatro modelos matemáticos aplicados, além de background composto por *rin/nor⁴/ogc*. Estas linhagens produziram mais de 75 toneladas de frutos por hectare, médias muito acima do normalmente observado para linhagens de tomateiro do tipo salada. A coerência entre os métodos aplicados, demonstra a acurácia dos dados e, principalmente, a eficiência das seleções realizadas até a obtenção das linhas puras, avaliadas nesse ensaio, pois obteve-se linhagens produtivas, estáveis, com características de longa vida pós-colheita. O uso dessas linhagens em futuros cruzamentos traz a perspectiva de se obter híbridos que podemos considerar com extralonga vida e, com boa adaptabilidade e estabilidade produtiva.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*. Tomate extralonga vida. Fenotipagem. Índice de seleção. Pós-colheita

DINIZ, Flávia Cristina Panizzon. **Characterization of tomato lines bearing ripening and coloration alleles**. 2024, 145f. Thesis of Doctor's Degree (Agronomy) – Centro de Ciências Agrárias, Departamento de Agronomia, Universidade Estadual de Londrina, Londrina, 2024.

ABSTRACT

The perishability of tomato fruits, associated with inefficient storage, the use of inadequate packaging and ineffective distribution logistics, turns tomatoes into one of the main vegetables with post-harvest losses. To reduce perishability, breeding and seed production companies have been using mutant ripening alleles (*rin*, *nor* and *nor^d*) in the production of hybrids, with the purpose of delaying ripening and increasing shelf life. However, the presence of these alleles, even in heterozygosity, negatively affects the color and flavor of the fruits, reducing consumer preference. Associating genes that improve the external and internal color of the fruit, such as (*ogc* and *hp*), with ripening mutants, has provided good results for improving quality, however, these hybrids are not commercially available. In view of the above, we propose to evaluate and to select potential tomato lines with good adaptability and temporal stability, with a background formed by mutant alleles and pigmentation genes, with productive potential and biochemical quality superior to long-life hybrids available on the market. Thirty-two isogenic lines with different backgrounds for ripening mutants and pigmentation genes were phenotyped, in addition to estimating the adaptability and phenotypic stability through parametric and nonparametric mathematical models. The breeding lines were grown in a greenhouse with a randomized block experimental design, with 14 replicates. The production and fruit quality components were assessed. To support the selection, the model proposed by Mulamba and Mock (1978), based on the sum of ranks and hierarchical index of genotypes, was applied. Nine lines were selected, with the best seedlings within each genotype group: normal/crimson; crimson; alcobaça; *rin*; crimson/alcobaça; crimson/*rin*; alcobaça/*rin* e crimson/alcobaça/*rin*. Adaptability and stability estimates were calculated using models proposed by Wricke (1965), Cruz *et al.* (1989), Eberhart; Russel (1966) and Schmidt *et al.* (2011). The results indicated that genotype × environment interaction, with lines with broad adaptability and stability, as well as lines with specific adaptability to favorable and unfavorable environments. The lines BPX-477C-25-05-04, BPX-477C-25-27-15 and BPX-477C-25-05-04 were the most promising, being ranked as the

best by the Scott-Knott clustering test, Mulamba and Mock index, with general broad adaptability, ordered in the four mathematical models applied, in addition to the background composed of *rin/nor^A/ogc*. These lines produced more than 75 tons of fruits per hectare, much higher than those normally observed for salad-type tomato lines. The coherence between the applied methods demonstrates the accuracy of the data and, mainly, the efficiency of the selections performed until obtaining the pure lines evaluated in this trial, since productive, stable lines with long post-harvest life characteristics were obtained. The use of these lines in future crosses brings the prospect of obtaining hybrids that we can consider having an extra-long life and good adaptability and productive stability.

Keywords: Shelf-life tomato. Phenotyping. Selection index. Post-harvest

LISTA DE FIGURAS

- Figura 1 – Produção de mudas de tomateiro: (A) Caixas de polipropileno que foram semeadas inicialmente; (B) Repicagem para bandejas de poliestireno expandido; (C) Mudanças prontas para transplante. Fonte: Autora (2020). 49
- Figura 2 – Preparação dos canteiros em estufa na fazenda escola da UEL: (A) Preparo do solo com calagem e adubação de base; (B) Preparo dos canteiros (C) Canteiros cobertos com mulching. Fonte: Autora (2020). 50
- Figura 3 – Transplante de mudas e desenvolvimento de plantas: (A) Mudanças recém transplantadas; (B) Mudanças pegadas após transplante; (C) Plantas com 35 dias após transplante; (D) Plantas tutoradas com fitilho em estágio de pré-florescência. Fonte: Autora (2020). 51
- Figura 4 – Plantas em estágio produtivo (A) 45 dias após transplante (B) 60 dias após transplante (C) 80 dias após transplante (D) 100 dias após transplante. Fonte: Autora (2020). 56
- Figura 5 – Representação da coloração dos frutos maduros, da esquerda para a direita. (A) Fruto vermelho normal, fruto *nor^d*, e fruto *rin*; (B) Fruto *rin*, fruto *nor^d* e fruto vermelho normal; (C) Fruto *rin* com macrocálice. Fonte: Autora (2020). 58
- Figura 6 – Representação da verificação e contagem do número de lóculos por fruto princípios: (A) Fruto *nor^d* com seis lóculos; (B) Fruto normal com dez lóculos. Fonte: Autora (2020). 59
- Figura 7 – Frutos em pleno desenvolvimento. (A) Frutos verdes de uma linhagem *rin*; (B) Frutos de linhagem normal em estágio *breaker*. Fonte: Autora (2020). 61
- Figura 8 – Índice de seleção para as características de produção e pós colheita de frutos das linhagens avaliadas. Fonte: Autora (2024). 78
- Figura 9 – Informações climáticas do período de realização do ensaio de avaliação de estabilidade e adaptabilidade temporal de linhagens isogênicas de tomateiro, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento. 100

LISTA DE TABELAS

<u>Tabela 1 – Linhagens portadoras de alelos mutantes de amadurecimento e gene de síntese de licopeno utilizadas no experimento e suas respectivas constituições genotípicas.</u>	47
<u>Tabela 2 – Manejo fitossanitário durante o experimento.</u>	52
<u>Tabela 3 – Manejo de fertilidade durante o experimento.</u>	54
<u>Tabela 4 – Características de produção. Valores da produção total de frutos, média de produção por planta, número de frutos colhidos, massa média de frutos por tratamento, tamanho relativo do fruto (comprimento e diâmetro), e o formato (comprimento/diâmetro) considerando todos os frutos por tratamento.</u>	65
<u>Tabela 5 – Características de qualidade de frutos. Firmeza, teor de sólidos solúveis e número de lóculos por fruto, considerando todos os frutos por tratamento.</u>	69
<u>Tabela 6 – Valores médios da <i>Lightness</i> (*L), Ângulo de cromaticidade (°Graus) e Cromo/Saturação da parte interna (Pericarpo, placenta e columela) e externa (Epiderme) dos frutos de tomate das linhagens avaliadas.</u>	70
<u>Tabela 7 – Genótipos em ordem de classificação e médias ajustadas para seleção das 50 primeiras posições com base no Mulamba; Mock, (1978). Índice de seleção com pesos econômicos estabelecidos para as características de produção e pós colheita de frutos das linhagens contendo alelos mutantes de amadurecimento.</u>	75
<u>Tabela 8 – Constituições genotípicas das linhagens selecionadas para alelos mutantes (futuros genitores para obtenção de híbridos).</u>	79
<u>Tabela 9 – Linhagens utilizadas no ensaio para estudos de adaptabilidade e estabilidade e suas constituições genotípicas baseadas nos alelos mutantes de amadurecimento e síntese de licopeno.</u>	101
<u>Tabela 10 – Estimativas das ecovalências dos parâmetros de estabilidade (σ^2_i) de acordo com o método de estabilidade proposto por Wricke (1965), referente ao rendimento produtivo de frutos de 32 linhagens de tomateiro em 11 épocas de colheita.</u>	109
<u>Tabela 11 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de acordo com a metodologia proposta por Eberhart; Russell (1966) referente ao rendimento produtivo de 32 linhagens de tomateiro em 11 épocas de colheitas pelo modelo ($\bar{Y}_{ij} = \beta_0 + \beta_1 i + \beta_2 j + \delta_{ij}$).</u>	112

<u>Tabela 12 – Média de produção de frutos de linhagens de tomateiro em ambientes (épocas de colheita), índice ambiental (A_j) e tipo de ambiente relativos ao período de cultivo.</u>	114
<u>Tabela 13 – Parâmetros de adaptabilidade e estabilidade estimados pela metodologia proposta por Cruz; Torres; Venkovsky. (1989) para rendimento produtivo de 32 linhagens de tomateiro em 11 épocas de colheita. β_{0i}=média geral; β_{1i}=ambiente desfavorável; $\beta_{1i} + \beta_{2i}$=ambiente favorável; QM= quadrado médio do desvio; R^2= ajuste da equação linear.</u>	116
<u>Tabela 14 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade temporal, conforme metodologia proposta por Schmildt <i>et al.</i> (2011), para a produtividade de 32 linhagens de tomateiro em 11 ambientes (colheitas agrupadas entre agosto e dezembro de 2020).</u>	119
<u>Tabela 15 – Linhagens discriminadas em cada método de estimativa de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.</u>	125

SUMÁRIO

<u>1</u>	<u>INTRODUÇÃO GERAL</u>	16
<u>2</u>	<u>REVISÃO BIBLIOGRÁFICA</u>	18
<u>2.1</u>	<u>A cultura do tomateiro</u>	18
<u>2.2</u>	<u>Processo de amadurecimento e conservação pós-colheita</u>	19
<u>2.3</u>	<u>Atributos de qualidade dos frutos</u>	21
<u>2.3.1</u>	<u>Firmeza</u>	21
<u>2.3.2</u>	<u>Coloração de frutos</u>	24
<u>2.4</u>	<u>Alelos mutantes <i>alcobaça</i> (<i>nor^d</i>), <i>non-ripening</i> (<i>nor</i>), <i>ripening-inhibitor</i> (<i>rin</i>), <i>high pigment</i> (<i>hp</i>) e <i>old gold crimson</i> (<i>og^c</i>) na conservação pós-colheita</u>	25
<u>3</u>	<u>REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS</u>	33
<u>4</u>	<u>ARTIGO A – CARACTERIZAÇÃO DE COMPONENTES DE PRODUÇÃO E DE QUALIDADE DE FRUTOS DE LINHAGENS DE TOMATEIRO, PORTADORAS DE ALELOS MUTANTES DE AMADURECIMENTO E GENES DE COLORAÇÃO DE FRUTOS</u>	44
<u>4.1</u>	<u>Resumo</u>	44
<u>4.2</u>	<u>Abstract</u>	44
<u>4.3</u>	<u>Introdução</u>	45
<u>4.4</u>	<u>Material e métodos</u>	47
<u>4.4.1</u>	<u>Local dos experimentos</u>	47
<u>4.5</u>	<u>Obtenção e caracterização do material experimental</u>	47
<u>4.6</u>	<u>Condução e delineamento experimental</u>	49
<u>4.7</u>	<u>Variáveis analisadas</u>	56
<u>4.7.1</u>	<u>Características de qualidade de fruto</u>	57
<u>4.7.2</u>	<u>Coloração dos frutos</u>	57
<u>4.7.3</u>	<u>Firmeza dos frutos</u>	58
<u>4.7.4</u>	<u>Teor de sólidos solúveis (SS)</u>	58
<u>4.7.5</u>	<u>Número de lóculos</u>	59
<u>4.7.6</u>	<u>Componentes de produção</u>	60
<u>4.7.6.1</u>	<u>Produção total</u>	60

4.7.6.2	Média de produção por planta	60
4.7.6.3	Massa média dos frutos	60
4.7.6.4	Número de frutos	60
4.7.6.5	Tamanho relativo do fruto	60
4.8	Análise de dados	61
4.8.1	Características de produção e qualidade de fruto	61
4.9	Resultados	62
4.9.1	Componentes de produção	62
4.9.2	Tamanho relativo do fruto	64
4.9.3	Firmeza de fruto	67
4.9.4	Sólidos solúveis (SS)	67
4.9.5	Número de lóculos nos frutos	68
4.9.6	Coloração interna e externa de frutos	70
4.9.7	Análise multivariada	74
4.10	Discussão	79
4.11	Conclusão	88
4.12	Referências bibliográficas	89
5	<u>ARTIGO B – ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE TEMPORAL DE LINHAGENS DE TOMATEIRO CONTENDO ALELOS MUTANTES DE AMADURECIMENTO</u>	96
5.1	Resumo	96
5.2	Abstract	96
5.3	Introdução	97
5.4	Material e métodos	100
5.4.1	Local do experimento	100
5.4.2	Obtenção e caracterização do material experimental	101
5.4.3	Condução e delineamento experimental	102
5.4.4	Variáveis analisadas	103
5.4.5	Análise de dados	104
5.4.5.1	Modelo matemático de Wricke (1965)	104
5.4.5.2	Modelo matemático de Eberhart; Russel (1966)	105
5.4.5.3	Modelo matemático de Cruz; Torres; Venkovsky, 1989	107
5.4.5.4	Modelo matemático de Schmildt <i>et al.</i>, (2011), adaptado de Annicchiarico (1992)	108

<u>5.5</u>	<u>Resultados</u>	109
<u>5.6</u>	<u>Discussão</u>	121
<u>5.7</u>	<u>Conclusão</u>	127
<u>5.8</u>	<u>Referências bibliográficas</u>	127
<u>6</u>	<u>ANEXOS</u>	131
<u>6.1</u>	<u>Anexo A – Análise química de solo.</u>	131
<u>6.2</u>	<u>Anexo B – Características genótípicas considerando todas as 448 linhagens/plantas avaliadas. Determinação do hábito de crescimento (Determinado ou Indeterminado); Fruto Jointless (Retenção do pedúnculo, Sim: Retido; Não jointless: Não retido). Presença dos alelos Macrocalyx (<i>mc</i>) e Old gold crimson (<i>og^c</i>) e Fenótipo do fruto maduro na planta (<i>vn</i>: Vermelho normal; <i>nor^a</i>: Vermelho pálido; <i>rin</i>: Amarelo limão).</u>	132

1 INTRODUÇÃO GERAL

O tomateiro *Solanum lycopersicum*. L. é a hortaliça mais estudada no meio científico e seu fruto é um dos principais produtos alimentícios produzidos no mundo, para consumo *in natura* e processamento. Alimento rico nutricionalmente e de baixa caloria, os frutos do tomateiro contribuem com mais nutrientes para a dieta do que qualquer outro vegetal, uma vez que contêm quantidades relativamente altas de carotenos, vitaminas, minerais e outras substâncias importantes ao metabolismo celular.

A demanda por frutos de qualidade teve aumento expressivo no mundo, preconizando características de tamanho, formato, textura, firmeza, coloração, presença de licopeno e betacaroteno e maior vida de prateleira. Manter a qualidade de um fruto caracterizado por alta perecibilidade, não é tarefa fácil. O tomateiro tem respiração climatérica, exigindo rápida comercialização após a colheita para que não haja perdas de atributos de qualidade. Diante de pouca eficiência da cadeia do frio e da logística de distribuição do fruto, perdas consideráveis acontecem em toda cadeia produtiva, desde a colheita até a mesa do consumidor. Sendo assim, minimizar perdas e aumentar a oferta do produto fresco, torna-se um desafio diante do crescimento populacional e do risco de insegurança alimentar e nutricional.

Pesquisas são realizadas com objetivo de melhorar aspectos do fruto do tomateiro, que garantam maior tempo de prateleira, mesmos com os entraves tecnológicos relativos ao transporte e armazenamento. Conhecer os principais aspectos bioquímicos, fisiológicos e componentes genéticos envolvidos no processo de amadurecimento, é fundamental para obter êxito na mitigação da perda pós-colheita (NIE *et al.*, 2024).

Como alternativa, o mercado atualmente disponibiliza cultivares híbridas, que aportam atributos de precocidade, uniformidade, produtividade, tolerância aos estresses abióticos e bióticos e maior durabilidade pós-colheita (frutos ‘longa-vida’). Com a estratégia de retardar o amadurecimento e prolongar o tempo de prateleira, as empresas do segmento, passaram a empregar nos seus híbridos, alelos mutantes como *ripening inhibitor (rin)*, *non ripening (nor)* e *alcobaça (nor^d)*, que estendem estágio de amadurecimento e de prateleira. Todavia, somente os heterozigotos para os alelos *rin (rin⁺/rin)*, *nor (nor⁺/nor)* ou *alcobaça (nor⁺nor^d)* têm sido empregados, visto que os respectivos homozigotos exercem efeito inibitório drástico no amadurecimento e reduzem a coloração final e aroma dos frutos (KITAGAWA *et al.*, 2005; TIEMAN *et al.*, 2017). A menor intensidade de coloração vermelha dos frutos de tomateiro e o sabor menos característico, comum aos tomates que

possuem os alelos mutantes em seu background, tem contribuído para reduzir a preferência do consumidor, diminuindo o mercado.

Por outro lado, há os alelos que melhoram a coloração do fruto - *high pigment* (*hp*) e *old gold-crimson* (*og^c*), que podem ser associados aos alelos de amadurecimento em um mesmo genótipo. Esses alelos são responsáveis por aumentar a concentração de licopeno, pigmento que torna o fruto de coloração vermelho intensa e mais atrativa ao consumo.

A viabilidade e as vantagens da ação simultânea desses genes em heterozigose foram comprovadas, mas ainda não empregada em híbridos comerciais. Combinar os alelos mutantes *rin*, *nor*, *nor^A*, em heterozigose, com os genes *hp* e *og^c* em único genótipo, pode aumentar ainda mais o tempo de prateleira, melhorar a qualidade nutricional do fruto e torná-lo mais atraente ao consumidor, restabelecendo o mercado. Para além disso, os genótipos sejam eles destinados ao mercado ou para fins de melhoramento, devem apresentar boa adaptabilidade e estabilidade fenotípica nos diferentes ambientes (locais) ou no mesmo ambiente, mas durante todo o ciclo de cultivo (temporal).

Estudos de adaptabilidade e estabilidade devem ser empregados de forma a discriminar a amplitude e as especificidades de cada genótipo em avaliação, principalmente pela interação que caracteres de produção e qualidade de frutos, em especial os alelos mutantes de amadurecimento, tem com o ambiente, permitindo assim previsibilidade do material em cada ambiente, facilitando as tomadas de decisão, sejam elas para recomendação ou para escolhas dentro do programa de melhoramento.

Para tanto, caracterizar linhagens mais adaptadas e estáveis, que possuam alelos mutantes de interesse, genes de pigmentação, com boa capacidade de combinação entre elas e com bons componentes de produção, é condição *sine qua non* para que se obtenha híbridos com frutos extralonga vida, com boa qualidade nutricional e aceitação, a fim de mitigar as perdas no pós-colheita dos frutos comercializados *in natura* e aumentar o ‘*shelf life*’.

Assim, objetivou-se caracterizar linhagens de tomateiro com melhor adaptabilidade e estabilidade temporal, portadoras de alelos de amadurecimento, providas de caracteres produtivos e de qualidade de frutos, com boa conservação pós-colheita, promissoras como genitoras na obtenção de híbridos. A proposta pretende combinar em uma mesma linhagem de tomateiro adaptabilidade e estabilidade, frutos firmes, dois diferentes mutantes de amadurecimento (*rin* e *nor^A*), e um gene que promove melhor coloração (*og^c*).

2 REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 A CULTURA DO TOMATEIRO

Entre os frutos carnosos climatéricos, o tomate mostrou-se atraente para os primeiros habitantes das Américas, que iniciaram sua domesticação selecionando variedades com frutos maiores do que os do ancestral selvagem *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* (TANKSLEY, 2004; PERALTA *et al.*, 2006; CONG *et al.*, 2008) um processo que continua até os dias atuais, como demonstrado pela grande coleção de cultivares atualmente em uso, caracterizadas por frutos com diferentes tamanhos e formas (TANKSLEY *et al.*, 1996; GRANDILLO *et al.*, 1999 ; TANKSLEY, 2004; BAI; PIM, 2007).

O tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.) é cultivado em todo o mundo, sendo as espécies silvestres nativas da região Andina, que abrange parte do Chile, Bolívia, Equador, Colômbia, Peru e Ilhas Galápagos. A domesticação foi por meio dos índios mexicanos, e a partir do ano de 1544 foi disseminada por colonizadores espanhóis, para as demais regiões do mundo, sendo introduzidos na Itália plantas com frutos amarelos, originando-se o nome pomodoro (BAUCHET; CAUSSE, 2012; SAAVEDRA *et al.*, 2017; FURQUIM *et al.*, 2020).

No Brasil, a introdução do cultivo ocorreu no final do século XIX pelos imigrantes europeus, cujo, aumento significativo na produção e no consumo se deu após a primeira guerra mundial em 1914. A partir das variedades pré-existentes, em 1940, houve o surgimento do tomate Santa Cruz, mediante cruzamentos e seleções realizadas por produtores e que marcou o início do cultivo econômico da cultura no país (GIORDANO; RIBEIRO, 2000; BAUCHET; CAUSSE, 2012; SAAVEDRA *et al.*, 2017; FURQUIM *et al.*, 2021).

A produção mundial de tomate, na safra de 2022 foi de 186,0 milhões de toneladas, em uma área cultivada de 4,9 milhões de hectares e um rendimento médio de aproximadamente 37,8 toneladas por hectare. O principal produtor mundial foi a China, seguido pela Índia, Turquia, Estados Unidos, Itália, Egito, Espanha, México, Brasil e Nigéria (FAOSTAT, 2024). Em 2022, o Brasil teve uma área cultivada de 54,5 mil hectares, alcançando rendimento médio de 69,9 toneladas por hectare, totalizando 3.809.986 toneladas do fruto produzidas (IBGE, 2024).

O tomateiro é uma planta de porte arbustivo, perene, mas cultivada como anual. A arquitetura é caracterizada pelo crescimento em altura e no número de ramificações, originando dois tipos de hábito de crescimento determinado, e indeterminado. Desde a década de 1990, as cultivares híbridas dominam o mercado, por possuírem características favoráveis

como a heterose, uniformidade, precocidade e resistência a diversas doenças (MALUF *et al.*, 2010).

As espécies do gênero *Solanum*, seção *Lycopersicon*, distribuem seus genes em 12 cromossomos, sendo *Solanum lycopersicum* o tomateiro cultivado, autógama, diploide ($2n = 24$), com genoma de 950 MB, considerado pequeno e de fácil mapeamento, em razão, da grande quantidade de marcadores moleculares associados às características de importância biológica e agrícola (GONÇALVES *et al.*, 2008; SALAZAR, 2011).

O desenvolvimento de híbridos, incorporando a característica 'longa vida' aos frutos, foi uma das maiores transformações tecnológicas ocorridas no cultivo do tomateiro. Cultivares de tomateiro do tipo longa vida *rin* foram introduzidas comercialmente pela primeira vez no Brasil pela Agroflora, em 1992. Grande parte do mercado de tomate *in natura* é realizado por híbridos do segmento longa vida, como exemplo deste tipo comercializados no mercado brasileiro temos, Alambra, Dominador, Leblon, Pietra. A conservação pós-colheita mais prolongada ocorreu por meio do emprego de mutantes de amadurecimento (FARIA *et al.*, 2006; MELO, 2010; MATOS *et al.*, 2012; SCHWARZ *et al.*, 2013).

Dentre alguns estudos sobre perdas pós colheita na cadeia produtiva do tomate *in natura*, constam os trabalhos realizados por Almeida *et al.* (2012) e Guerra *et al.* (2014), que trazem dados de perdas de 43,60% por causas relacionadas a proliferação de agentes biológicos e amadurecimento acelerado, e do percentual de 57% das perdas de tomate por danos mecânicos. Considerando isto, Caixeta Filho (2019), descreveu em seu estudo que as perdas estão relacionadas principalmente às atividades de manuseio pós-colheita dos frutos e de suas características genéticas.

A domesticação e o melhoramento genético aumentaram o rendimento e a produtividade, mas em contrapartida levaram à erosão genética e à redução do valor nutricional e do sabor do tomate (TIEMAN *et al.*, 2017; ZSOGON *et al.*, 2018). Portanto, ao desenvolver híbridos deve-se introduzir genes com características de interesse para reduzir as perdas pós-colheita, além de, melhorar a qualidade nutricional e sensorial (NATALINI *et al.*, 2021; CASALS *et al.*, 2021; KUMARI *et al.*, 2022).

2.2 PROCESSO DE AMADURECIMENTO E CONSERVAÇÃO PÓS-COLHEITA

O amadurecimento é um processo controlado geneticamente, ocorre em razão de uma sequência de alterações fisiológicas e bioquímicas sincronizadas, que

determinam vários atributos dos frutos como a textura, o sabor, a pigmentação, o aroma, a composição nutricional, a resistência a doenças e a conservação pós-colheita dos frutos (HOBSON; GRIESON, 1993; MOORE *et al.*, 2002; FARIA *et al.*, 2006; PAULA *et al.*, 2015; LI *et al.*, 2020).

No processo de amadurecimento, ocorre aumento gradativo da atividade metabólica, com isso, ocorre à degradação da clorofila, produção acentuada de açúcares, síntese de carotenóides, aumento nas taxas de CO₂, redução de O₂ e o acréscimo na concentração de etileno endógeno, intensificando a respiração, caracterizando o climatério respiratório (LYONS; PRATT, 1964; RINALDI *et al.*, 2011; CIGLIANO *et al.*, 2022).

O tomateiro é classificado como um fruto climatérico, nesse caso, o etileno tem papel importante na coordenação da atividade respiratória do processo de amadurecimento (GIOVANNONI, 2002; MOURA *et al.*, 2005; ITO, *et al.*, 2021). Diante dessa característica a colheita pode ser antecipada, com frutos ainda na coloração verde, mas fisiologicamente maduros, conhecido como *mature green*, e assim, terminar o processo de maturação fora da planta, aumentando o tempo hábil para transporte, comercialização e consumo dos frutos (LYONS; PRATT, 1964; MOURA *et al.*, 2005).

A colheita em estágio *breaker*, onde apresenta a quebra da cor verde e inicia-se o aparecimento de manchas amareladas e avermelhadas próximas a região da cicatriz estilar dos frutos, manifestam sabor inferior quando comparados aos frutos colhidos em plena maturação. Portanto, a antecipação da colheita aumenta o tempo de prateleira dos frutos, favorece as características firmeza, sólidos solúveis, acidez titulável, açúcar redutor e licopeno, todavia, causa redução na qualidade final, pois, os frutos não atingem os padrões ideais exigidos pelos consumidores (KADER *et al.*, 1978; MOURA *et al.*, 2005; PAULA *et al.*, 2015; ITO, *et al.*, 2020), fato que confirma, a importância do melhoramento genético visando híbridos longa vida, que possibilitem o atraso no amadurecimento, permitindo a colheita nos estádios mais avançados e preservando as principais características de consumo.

Os alelos mutantes *rin* (*ripening inhibitor*), o *nor* (*non ripening*) e o *nor⁴* (*Alcobaça*), exercem efeitos pleiotrópicos sobre o amadurecimento, promovendo a deficiência na respiração, a intercepção da biossíntese de etileno, redução na degradação da parede celular, e na produção de carotenóides. Além de atuar diretamente no retardo da maturação, os alelos mutantes afetam o sabor, aroma, firmeza e coloração dos frutos (CIGLIANO *et al.*, 2022; KUMAR *et al.*, 2018; LI, *et al.*, 2021; ROOHANITAZIANI *et al.*, 2022).

Ng e Tighellaar, (1977), em estudos com *nor/nor* em homozigose demonstraram não haver climatério respiratório, a firmeza se reduz de maneira vagarosa, e há uma atividade baixa da enzima poligalacturonase nos frutos maduros.

O mutante *rin* em homozigose não amadurecem quando colhidos no início do breaker, portanto, não climatérico (TIGCHELAAR *et al.*, 1978; ROYCHOUDHURY, 2021; LI, *et al.*, 2020). Os frutos alcobaça mostraram-se climatéricos, apresentando decréscimo na taxa de maturação entre os estádios esverdeado maduro e avermelhado, propiciando incremento de cinco dias de vida pós-colheita em frutos heterozigotos *alc⁺/alc*, e de 22 dias em frutos homozigotos *alc/alc*, em relação aos frutos normais *alc⁺/alc⁺* (MUTSCHLER *et al.*, 1992; DIAS *et al.*, 2003; OSEI *et al.*, 2019).

Conforme estudos de Njume *et al.* (2020) os frutos climatéricos, caso dos frutos de tomateiro *in natura*, possuem um pico na sua atividade respiratória, provocando o seu amadurecimento e em seguida o início do processo de senescência. Além disso, são frutos com elevada perecibilidade, obtendo perdas em diferentes etapas da cadeia produtiva, seja na produção, colheita, pós-colheita, armazenamento, transporte e logística para a sua distribuição nos pontos de vendas dos mercados atacadistas (MACHADO *et al.*, 2018; FAO, 2019).

Dessa forma, a introgressão dos mutantes de amadurecimento tornou-se exequível em heterozigose, em condições que os efeitos deletérios desses locos não interfiram na coloração e visando principalmente o prolongamento da vida pós-colheita dos frutos (ANDRADE JUNIOR *et al.*, 2005; LI, *et al.*, 2021).

2.3 ATRIBUTOS DE QUALIDADE DOS FRUTOS

2.3.1 Firmeza

A firmeza dos frutos de tomateiro é uma das principais características de qualidade para consumo “*in natura*”, estando associada diretamente a boa conservação pós-colheita, sendo essencial a resistência do fruto ao transporte e durante o manuseio na colheita e comercialização (AHRENS; HUBER, 1990; WANN, 1996). A firmeza pode estar relacionada tanto com *background* genético, como também de alelos mutantes que possam atuar na dinâmica de amadurecimento (AHRENS; HUBER, 1990; ARAÚJO *et al.*, 2002; SANTOS JUNIOR *et al.*, 2003; ANDRADE JUNIOR *et al.*, 2005).

Durante o processo de amadurecimento, há o acúmulo em grandes quantidades de enzimas hidrolíticas, que atuam na despolimerização e solubilização de

pectinas, promovendo modificações na estruturação da parede celular, resultando na perda da integridade dos tecidos, ocasionando o amolecimento dos frutos (BUESCHER *et al.*, 1976; RICHARDSON; HOBSON, 1987; CROOKES; GRIERSON, 1993; ROOHANITAZIANI *et al.*, 2022).

As principais enzimas envolvidas são a poligalacturonase, que solubiliza a pectina, causando mudanças na textura durante o amadurecimento e a pectinametilesterase que atua como catalizadora nos processos metabólicos que tornam as paredes celulares mais suscetíveis à ação da poligalacturonase (AHRENS; HUBER, 1990; SANTOS JUNIOR *et al.*, 2003; ROYCHOUDHURY, 2021; ROOHANITAZIANI *et al.*, 2022).

A degradação das substâncias pécticas pode ser bloqueada por meio da diminuição dos efeitos da poligalacturonase (MABBETT, 1989; STEELE *et al.*, 1997). A variação dos níveis dessas enzimas depende do genótipo e estágio de maturação dos frutos, acelerando ao longo do processo de amadurecimento (AHRENS; HUBER, 1990; CHITARRA; CHITARRA, 1990).

O acúmulo de mRNA da poligalacturonase no citosol ocorre em consequência do aumento na síntese de etileno, e da ativação da transcrição do gene que codifica a poligalacturonase (HOBSON; GRIERSON, 1993; ITO *et al.*, 2021). No decorrer do amadurecimento, há um aumento de duas mil vezes do nível de mRNA da poligalacturonase, ou seja, a regulação da expressão gênica dessa enzima exerce papel direto no processo (DELLAPENNA *et al.*, 1987; ITO *et al.*, 2020).

Uma alternativa de prolongar a vida pós-colheita dos frutos de tomate comerciais foi incorporar os alelos mutantes de amadurecimento, que influenciam no processo de firmeza, são eles *rin* (*ripening inhibitor*), *nor* (*non ripening*) e *nor^d* (*alcobaça*) (RESENDE *et al.*, 2004; FREITAS *et al.*, 1999; BARRY; GIOVANNONI, 2006; BENITES *et al.*, 2010; LI *et al.*, 2020; LI *et al.*, 2021).

Esses alelos mutantes bloqueiam e prolongam o período de maturidade, conferindo longa vida aos frutos, quando em heterozigose. Em homozigose, podem causar modificações nas vias metabólicas, impedindo o amadurecimento adequado, reduzindo compostos aromáticos, interferindo negativamente na qualidade do aroma, sabor, e na textura (KOVÁCS *et al.*, 2009).

Com a presença dos alelos mutantes nos frutos, há redução na atividade de transcrição da poligalacturonase, não acumulando o mRNA que a codifica (DELLAPENNA *et al.*, 1987; MUTSCHLER *et al.*, 1992).

O alelo *nor* foi descoberto na cultivar de tomateiro Italian Winter, em estudos na Universidade de Purdue - EUA, no ano de 1973, pelos pesquisadores Tigchelaar, Tomes, Kerr e Barman. O alelo *alcobaça* (*alc*) foi descoberto e descrito por Almeida em 1967 em uma cultivar na região de Alcobaça em Portugal (DELLA VECCHIA; KOCH, 2000).

Estudos feitos por Araújo *et al.* (2002), verificaram que o alelo alcobaça em homozigose (*nor⁴/nor⁴*) prolonga o tempo de prateleira dos frutos de tomate pela redução dos teores de licopeno e betacaroteno, aumento da relação brix/acidez, redução na perda de peso pelos frutos, além de prejudicar a coloração, tornando frutos não comerciáveis.

Em heterozigose, o mutante alcobaça não promoveu deficiência na coloração dos frutos, houve redução na perda de peso e teve incremento na firmeza, reduzindo a atividade da enzima poligalacturonase, independentemente do estágio de maturação do fruto, sobretudo quando associado aos genótipos *hp/hp* e *hp⁺/hp* ou *com og^c/og^c* (ARAÚJO *et al.*, 2002; SANTOS JUNIOR *et al.*, 2003; DIAS *et al.*, 2003).

O alelo recessivo *ripening inhibitor* (*rin*), interrompe o amadurecimento normal dos frutos, mesmo em condições de etileno exógeno (MOORE *et al.*, 2002). O alelo *rin* é consequência de uma mutação no loco posicionado no cromossomo cinco, e é ligado de forma associativa ao alelo *macrocalyx* (*mc*), responsável pelo fenótipo cálice gigante (MOORE *et al.*, 2002). Frutos *rin* em homozigose são deficientes em licopeno e betacaroteno (SANTOS JUNIOR *et al.*, 2003; ROYCHOUDHURY, 2021; ITO *et al.*, 2020).

Os alelos *nor⁴*, *nor* e *rin*, em heterozigose, isoladamente, retardam a perda de firmeza dos frutos, a combinação dos alelos *nor⁺/nor⁴* *rin⁺/rin* reduz a atividade da enzima poligalacturonase no estágio *breaker*, e os alelos *nor* e *rin* juntos, em heterozigose (*nor⁺/nor⁴* *rin⁺/rin*) também diminui a perda da firmeza nos frutos, em relação aos genótipos não portadores destes alelos (SANTOS JUNIOR *et al.*, 2005; ANDRADE JUNIOR *et al.*, 2005; BENITES *et al.*, 2010; LI *et al.*, 2021).

O emprego simultâneo de alelos mutantes de amadurecimento e genes de coloração (*nor⁴*, *rin*, *ogc* e *hp*), em híbridos de tomateiro, obtiveram maior conservação pós-colheita e manutenção da coloração dos frutos que genótipos normais, sendo *nor⁺/nor⁴* *og^c+/og^c* e *nor⁺/nor⁴* *og^c+/og^c* *hp+/hp*, as constituições genotípicas mais promissoras (CÁ *et al.*, 2006). As constituições genotípicas (*og^c+/og^c* *hp+/hp*) e (*og^c+/og^c* *hp+/hp* *nor⁴+/nor⁴*) contribuíram para o aumento da vida pós-colheita dos frutos (SANTOS, 2012). Avaliar o tempo de prateleira sem que ocorra danificação ou destruição dos frutos, permite avaliar os efeitos desses alelos por períodos mais prolongados (CALBO; NERY, 1995).

2.3.2 Coloração de frutos

A cor é um dos principais indicativos de qualidade levado em consideração pelo consumidor (CHITARRA; CHITARRA, 2005). O processo de amadurecimento provoca mudanças na cor dos frutos de tomate, em que, frutos verdes com a degradação da clorofila, passam gradativamente para coloração avermelhada, resultante da síntese e acúmulo de pigmentos carotenoides, principalmente de licopeno (ZAMBRANO *et al.*, 1995; HOBSON; GRIERSON, 1993; LÓPEZ *et al.*, 2001). Esses fatores são intensificados com a permanência do fruto na planta, sendo que, a velocidade e a intensidade da pigmentação vermelha, variam conforme o genótipo (KOPELIOVITCH *et al.*, 1979; BARRET; ANTHON, 2001; GIOVANELLI *et al.*, 2001; LÓPEZ *et al.*, 2001).

Os alelos recessivos *hp* (*high pigment*) e o *og^c* (*old gold-crimson*) contribuem para a coloração dos frutos. O mutante *hp* é de herança monogênica, e em frutos maduros *hp/hp* apresentam coloração vermelha intensa, alto conteúdo de licopeno e betacaroteno (ARAÚJO *et al.*, 2002). O alelo *og^c*, possui ação pleiotrópica, atribuindo cor alaranjada às pétalas, coloração vermelha intensa à polpa dos frutos, aumento do teor de licopeno, porém, diminui betacaroteno da região locular dos frutos (THOMPSON *et al.*, 1965).

Em genótipos normais *nor⁺/nor^A* ou *rin⁺/rin*, os alelos *og^c* (homozigose ou heterozigose) e *hp* (heterozigose) colaboraram para melhor coloração interna dos frutos. Em *nor⁺/nor^A* o efeito positivo de *og^c* e *hp* na coloração interna é mais significativo que em genótipos *rin⁺/rin* (CÁ *et al.*, 2006; ITO *et al.*, 2021).

A incorporação dos alelos mutantes *og^c* e *hp*, em heterozigose intensificam a coloração vermelha e aumentam os teores de betacaroteno e licopeno dos frutos, (LAMPE; WATADA, 1971; FARIA *et al.*, 2006), em que, juntos contribuem na incrementação de coloração nos frutos de genótipos *nor⁺/nor^A* (FARIA *et al.*, 2003; ARAÚJO *et al.*, 2002).

Todavia, outro gene mutante responsável por aumentar teores de beta caroteno é o mutante *B* ou *high beta*, tornando os frutos de cor alaranjada quando maduros (ARAÚJO *et al.*, 2002). Lincoln e Porter (1950), por meio de estudos com espécies de tomate com frutos de coloração laranja e avermelhadas concluíram que a herança do conteúdo de beta caroteno é monogênica (gene *B*) com dominância parcial e que o uso gene *B* (*high beta*) eleva o teor de beta caroteno.

Em estudos com algumas variedades de tomates vermelhos com teor de aproximadamente 10% de betacaroteno, quando cruzadas com material *high beta*,

apresentaram em seus híbridos em média de 61% de teor de betacaroteno, e na geração F2 os valores mais baixos ficaram entre 20% a 30% e os mais elevados entre 70% e 80% de betacaroteno (TOMES, QUACKENBUSH e MCQUISTAN, 1954).

Ronen *et al.* (2000) em estudos sobre os mecanismos genéticos dos genes mutantes *B* e *og^c* verificaram que a mutação nula do gene *B* expressa o fenótipo de *og^c*, indicando que o gene *og^c* é um alelo do gene *B*. Frutos de tomates *high beta* de coloração alaranjada, podem não ter uma boa aceitação pelo consumidor. Combinações de *high beta* com *og^c* e *hp* podem ser uma alternativa na melhoria da coloração.

De forma geral, a coloração pode ser influenciada pelos alelos *nor^d*, *rin* e *nor*, pois, alteram a síntese de licopeno e beta-caroteno nos frutos. Os mutantes *nor* e *nor^d*, e *rin* em homozigose, afetam a síntese de carotenoides, tornando os frutos de cor alaranjada e amarelada, respectivamente, isto é, coloração não atrativa comercialmente. Em heterozigose, a coloração final é aceitável, (*rin⁺/rin⁺*, *nor⁺/nor⁺*), genótipos *nor⁺/nor^d* não sofrem no progresso de coloração externa, mas nas combinações *nor⁺/nor^d* *rin⁺/rin* e *nor⁺/nor* *rin⁺/rin* houve atraso para chegar na coloração avermelhada dos frutos (SANTOS JUNIOR *et al.*, 2003; SANTOS JUNIOR *et al.*, 2005; ITO, *et al.*, 2020; ITO *et al.*, 2021).

2.4 ALELOS MUTANTES *ALCOBAÇA* (*NOR^d*), *NON-RIPENING* (*NOR*), *RIPENING-INHIBITOR* (*RIN*), *HIGH PIGMENT* (*HP*) E *OLD GOLD CRIMSON* (*OG^c*) NA CONSERVAÇÃO PÓS-COLHEITA

Os alelos mutantes *rin* (*ripening inhibitor*), *nor* (*nonripening*), *alc* (*alcobaça*), *hp* (*high pigment*) e *og^c* (*old gold crimson*), interferem no processo natural de amadurecimento dos frutos de tomateiro, atrasando a maturação e alongando o tempo de prateleira, isto é, a conservação dos frutos pós-colheita (BENITES *et al.*, 2010; BABAK, *et al.*, 2018; ITO *et al.*, 2021; ZHU *et al.*, 2022).

Os primeiros trabalhos com essa abordagem foram desenvolvidos na década de 1980, surgindo inúmeras controvérsias em relação ao alelismo entre os mutantes *alcobaça* e *non ripening* (LOBO *et al.*, 1984; MUTSCHLER, 1984). Mutschler (1984), constatou que estavam ligados a uma distância de 17 cM, e não eram alélicos, mas Lobo *et al.*, (1984) concluíram que os mutantes ocupavam o mesmo loco no cromossomo 10, sendo o alelo *alcobaça* dominante sobre *nor*, sugerindo uma denominação específica de *nor^d*. Diante do impasse Benites *et al.* (2010) realizaram teste de alelismo e concluíram serem alelos no mesmo loco, e propôs a utilização definitiva da simbologia *nor^d*, proposta anteriormente em substituição a *alc*.

O alelo *alcobaça* (*alc*), em homozigose inibe o amadurecimento normal dos frutos, causando decréscimo total da atividade enzimática da poligalacturonase, de etileno e CO₂, afetando também, o conteúdo de pigmentos e a razão licopeno/beta caroteno (MUTSCHLER, 1984; MUTSCHLER *et al.*, 1992; LOBO *et al.*, 1984). Em heterozigose o alelo, mostrou-se superior por adiar o desenvolvimento da coloração avermelhada, aumentar a firmeza dos frutos (FREITAS *et al.*, 1999), não acarretando efeitos deletérios sobre a produção total, peso médio e formato de fruto, assim como, no tamanho da cicatriz peduncular (FARIA *et al.*, 2003). Estudos feitos por Araújo *et al.* (2002) mostraram que não houve prejuízos na coloração interna ou externa e no teor de licopeno dos frutos, mas houve reduções no teor de beta-caroteno.

O mutante recessivo *rin* (*ripening inhibitor*) foi descoberto e descrito em 1968, na Universidade de Cornell - EUA, por Robinson e Tomes, em uma linhagem F₄ de tomateiro selecionada do cruzamento entre as cultivares Fireball e Linhagem 54-149 (DELLA VECCHIA; KOCH, 2000). O alelo é resultante de uma mutação em um loco posicionado no cromossomo 5, estando ligado ao loco gênico denominado macrocálice (*mc*), responsável por alterar o tamanho das sépalas, sendo este fenótipo denominado ‘cálice gigante’ (TIGCHELAAR *et al.*, 1978; GIOVANNONI *et al.*, 1995; ROYCHOUDHURY, 2021).

Tomates homozigotos para o alelo *rin* permanecem firmes e verdes por muito tempo, pois há alteração direta nos níveis de degradação normal de clorofila, na síntese de pigmentos carotenoides, na degradação da parede celular, na respiração climatérica e na síntese de etileno climatérico (LINCOLN; FISCHER, 1988; CHUNGUI *et al.*, 1996; BENITES *et al.*, 2010; CIGLIANO *et al.*, 2022; ROOHANITAZIANI *et al.*, 2022).

Santos Junior *et al.*, (2005) evidenciaram que *rin*⁺/*rin*, em *background* híbrido (FloraDade x Tropic) proporcionou queda sobre a produção total de frutos. Porém, Andrade Junior *et al.* (2005) com o uso de outro *background* (FloraDade x Mospomorist), relataram não haver perdas de produtividade ocasionadas pela presença do alelo.

O alelo *nor* mutante recessivo, situado no cromossomo 10 e ligado em repulsão a distância de 3,5 cM do alelo *uniform ripening* (*u*) é responsável pela inexistência de ‘ombro verde’ nos frutos (TIGCHELAAR *et al.*, 1978; LI *et al.*, 2021).

Frutos *nor/nor* homozigotos apresentam decréscimos significativos na respiração climatérica e retardo na biossíntese de etileno (ZAMBON, 1984; MOORE *et al.*, 2002; LI *et al.*, 2021). Na firmeza, há baixa atividade da enzima poligalacturonase e pectinametilesterase, em frutos maduros, postergando o amolecimento do fruto durante a maturação (NG; TIGHELLAAR, 1977; LI *et al.*, 2021).

O alelo *nor* em heterozigose promove um padrão de amadurecimento intermediário em relação ao de frutos normais (BUESCHER; TIGCHELAAR, 1975; KOPELIOVITCH *et al.*, 1982). De acordo com Santos Junior *et al.* (2003) e Faria *et al.* (2006), em relação à massa média dos frutos, o mutante *nor^d* em heterozigose não interferiu negativamente nesta característica.

O mutante *old gold crimson (og^c)* foi descoberto em 1962, por Butler (Wann *et al.*, 1985) e confere uma coloração avermelhada intensa à polpa de frutos de tomate (THOMPSON *et al.*, 1967). Thompson *et al.* (1965) verificaram se tratar de um alelo recessivo, que apresenta ação pleiotrópica, promovendo fenótipo alaranjado das pétalas. E que frutos mutantes homocigotos *og^c/og^c*, demonstraram cerca de 75% de teores mais elevados de licopeno em relação a frutos normais, entretanto, com decréscimo em betacaroteno, sobretudo na região locular dos frutos.

O *high pigment (hp)* é um mutante de herança monogênica, localizado no cromossomo dois do genoma do tomateiro. Caracteriza-se por aumentar a qualidade dos frutos, por meio da produção de elevados conteúdos de licopeno e betacaroteno em frutos *hp/hp* maduros, resultando em polpa de coloração vermelha intensa (THOMPSON *et al.*, 1962; LAMPE; WATADA, 1971; GIOVANNONI, 2002).

Jarret *et al.* (1984) evidenciaram que em homocigose, o mutante *hp* causa redução no desenvolvimento da planta e incremento nos teores de clorofila nos tecidos. Sendo relacionado por Yen *et al.* (1997) com a regulação da resposta à luz durante o crescimento e desenvolvimento da planta. Araújo *et al.* (2002) demonstraram que essas combinações genóticas envolvendo *hp/hp*, apresentaram redução da produtividade, e presença de ‘ombro verde’ nos frutos.

No estudo de produtividade e pós-colheita, em background Flora-Dade × Monspomorist, Faria *et al.* (2003) concluíram que os alelos *hp* e *og^c* juntos em um mesmo genótipo em heterozigose, atuaram na intensificação da coloração vermelho intensa dos frutos para o loco alcobaça. Híbridos com constituição genotípica *alc⁺/alc*, *og^{c+}/og^c*, *hp⁺/hp* obtiveram melhor coloração dos frutos em comparação aos híbridos *alc⁺/alc*. No que diz respeito à firmeza dos frutos, esses alelos não expressaram interferência.

Vale ressaltar que os efeitos desses mutantes não devem ser interpretados individualmente, pois, há evidência de vários efeitos significativos promovidos pelas interações entre esses locos, dos alelos *nor^d*, *og^c* e *hp*. Efeitos epistáticos, tanto em heterozigose como em homocigose, representaram mais de 50% da variação genética total existente nos atributos relacionados à qualidade pós-colheita e à produção de frutos

(ARAÚJO *et al.*, 2002; ZHU *et al.*, 2022).

Em *background* FloraDade, os mutantes *og^c* e *hp* propiciaram vantagens sobre a coloração interna e externa, e sobre os conteúdos de licopeno e beta-caroteno de frutos dos genótipos *nor⁺/nor^d*, tanto homozigose como em heterozigose, na forma isolada ou em interação (ARAÚJO *et al.*, 2002; FARIA *et al.*, 2006). A combinação *og^c+/og^c hp+/hp* em frutos maduros *nor⁺/nor^d* apresentou acréscimos significativos na coloração externa e no teor de licopeno (FARIA *et al.*, 2006).

Em avaliações dos efeitos das duplas combinações entre os alelos *rin*, *nor* e *nor^d* em heterozigose, em híbridos de *background* FloraDade × Tropic, Santos Junior *et al.* (2005) concluíram que as combinações heterozigotas *nor^d/nor*, *nor^d/rin* e *nor/rin* foram mais expressivas na desaceleração de perda de firmeza em comparação a ação individual desses alelos. Confirmando a potencialização dos efeitos dois a dois, em heterozigose, no intuito da viabilidade de uso simultâneo desses pares alélicos, na obtenção de cultivares longa-vida.

Em *background* FloraDade, Benites *et al.* (2010) também avaliaram os efeitos das duplas combinações heterozigotas, *nor⁺/nor^d rin⁺/rin* e destacam a evolução mais lenta na diminuição de firmeza dos frutos, em relação genótipos heterozigotos para esses alelos isoladamente, sobressaindo-se em tempo (dias), de permanência dos frutos acima do limite crítico de firmeza (2.104 N/m²), após a colheita no estágio *breaker*.

Os frutos da combinação heterozigota *nor^d/nor*, permaneceram acima do limite crítico de firmeza por aproximadamente um mês (31,5 dias) após a colheita no estágio *breaker*, portanto o dobro de tempo que levou os frutos de *nor⁺/nor^d rin⁺/rin* (15,3 dias) e *nor⁺/nor rin⁺/rin* (12,5 dias) e quatro vezes o tempo gasto por genótipos mutantes simples *nor⁺/nor^d* (7,1 dias), *nor⁺/nor* (8,7 dias) e *rin⁺/rin* (8,7 dias) (BENITES *et al.*, 2010).

No que diz respeito à coloração de frutos colhidos no estágio *breaker*, Benites *et al.* (2010) constataram que frutos *nor^d/nor* não alcançaram coloração externa aceitável aos 28 dias após a colheita, de maneira oposta aos duplos mutantes, *nor⁺/nor^d rin⁺/rin* e *nor⁺/nor rin⁺/rin*, que obtiveram satisfatório padrão de pigmentação.

A proposta pretende reunir numa mesma linhagem melhorada tanto a firmeza de fruto (longa-vida estrutural) quanto dois alelos mutantes de amadurecimento em homozigose (*rin* e *nor^d*), além do alelo *og^c* em homozigose para minorar os problemas de coloração de frutos dos híbridos em que a linhagem for usada como genitora. Por resultar na combinação de dois diferentes alelos mutantes de amadurecimento (*rin* e *nor^d*) com um gene mutante para coloração (*og^c*) em *background* de frutos firmes, prevê-se que tais linhagens, em combinações com linhagens normais amplamente disponíveis, levem em consequência à

obtenção de híbridos com extra-longa vida com excelente firmeza e coloração.

Do ponto de vista científico, por meio da tecnologia extra-longa vida haverá um incremento na vida pós-colheita de aproximadamente duas vezes comparada com as atualmente disponíveis de tomates longa-vida estruturais ou com apenas um mutante de amadurecimento (*rin*). A mensuração destes efeitos é pouco documentada na literatura, face à pouca disponibilidade de linhagens *nor^A/nor^A*, e, menos ainda, de linhagens *rin/rin nor^A/nor^A*.

2.5 ADAPTABILIDADE E ESTABILIDADE EM TOMATEIRO

Os tomates do tipo longa-vida genético, surgiram no mercado brasileiro, em 1988, se expandindo com celeridade para as principais regiões produtoras, principalmente no sul e sudeste do país, chegando a ocupar 70% do mercado *in natura* de frutos (DELLA VECCHIA; KOCH, 2000). Com a expansão dos tomates do tipo italiano ou saladete, classificado como longa vida estrutural, a faixa de mercado do longa vida genético reduziu, devido, a qualidade inferior dos frutos, atribuída a deficiência de coloração interna e externa e sabor pouco característico de tomate (LI *et al.*, 2020). Características de qualidade de fruto, em especial as de amadurecimento, relacionadas aos mutantes *rin*, *nor* e *nor/alc*, são controladas de forma quantitativa e de grande interação com ambiente. Assim, genótipos mais adaptados a um determinado ambiente, pode se expressar fenotipicamente diferente em outro ambiente (CRUZ *et al.*, 2014).

A interação entre genótipo e ambiente é definida pelo comportamento diferenciado dos genótipos frente às variações ambientais, sendo considerada uma das principais dificuldades no processo de melhoramento de plantas. Essa interação dificulta a recomendação de genótipos para vários ambientes, além de provocar superestimação dos ganhos genéticos, resultando em menor êxito dos programas de melhoramento (SILVA; DUARTE, 2006; CRUZ *et al.*, 2014).

Desde a década de 60, a interação genótipos × ambientes têm sido estudada em várias culturas, incluindo o tomateiro (WILLIAMS; GILBERT, 1960). A interação genótipo ambiente pode ser de natureza simples ou complexa. A interação simples ocorre quando não há mudança na classificação dos genótipos nos diferentes ambientes. Esse tipo de interação não causa problema na recomendação, pois os melhores genótipos em um ambiente também o são em outro (CRUZ *et al.*, 2014). A interação complexa ocorre quando há mudança na classificação dos genótipos em relação aos ambientes avaliados. Neste caso, a seleção dos genótipos com base na média considerando os ambientes não é adequada,

podendo acarretar, na seleção de genótipos menos adaptados as mudanças ambientais (CHAVES, 2001).

Quando é detectada interação a partir da análise de variância conjunta dos ensaios, é possível adotar-se duas estratégias para minimizar os seus efeitos. A primeira é a estratificação ambiental, que se baseia na recomendação particularizada dos genótipos para sub-regiões. Neste caso, ambientes semelhantes são agrupados em sub-regiões dentro das quais a interação é não significativa (RAMALHO *et al.*, 2012). Além disso, quando ocorrem ambientes com padrões similares de respostas de genótipos, a estratificação permite reduzir o número de ambientes da rede de ensaios (MENDONÇA *et al.*, 2007). Contudo, mesmo com a estratificação ambiental uma fração da interação ainda pode permanecer, devido a fatores ambientais incontrolláveis, como temperatura e pluviosidade (CRUZ *et al.*, 2012). A segunda estratégia é a recomendação generalizada para toda uma região, baseada na partição do comportamento dos genótipos em parâmetros de adaptabilidade e estabilidade (CHAVES, 2001; MAIA *et al.*, 2013). A adaptabilidade pode ser definida como a capacidade dos genótipos em responder vantajosamente aos estímulos ambientais, e a estabilidade pode ser definida como a capacidade dos genótipos apresentarem comportamento altamente previsível frente aos estímulos ambientais (CRUZ *et al.*, 2014).

Existem vários métodos para estimar a adaptabilidade e a estabilidade, os quais se diferem quanto ao conceito de estabilidade e aos procedimentos matemáticos adotados (PRADO *et al.*, 2001). Segundo Cargnelutti Filho *et al.* (2007) esses métodos podem ser dispostos em diversas classes, como aqueles baseados em análise de variância (YATES; COCHRAN, 1938; PLAISTED; PETERSON, 1959; WRICKE, 1965), regressão linear (FINLAY; WILKINSON, 1963; EBERHART; RUSSELL, 1966; TAI, 1971), regressão bissegmentada (VERMA *et al.*, 1978; SILVA; BARRETO, 1985; CRUZ *et al.*, 1989) e em estatísticas não-paramétricas (LIN; BINNS, 1988; HUEHN, 1990; ANNICCHIARICO, 1992, SCHMILDT *et al.*, 2011), que têm como fundamento a interação genótipos x ambientes, que se distinguem nos conceitos de estabilidade adotados e em certos princípios estatísticos empregados.

Para obter o máximo de benefícios de cada sistema de cultivo, o conhecimento da interação genótipos x ambientes é fundamental, pois a mesma ocorre quando se testam diversas cultivares em diferentes condições ambientais (MATOS *et al.*, 2012).

A existência da interação é uma dificuldade adicional à seleção e recomendação de genótipos, quer seja para o mercado ou mesmo dentro de um programa de melhoramento, pois o melhor genótipo em um ambiente pode não o ser em outro (CRUZ;

REGAZZI, 1997). Devido a isso, conforme relatam Cruz; Carneiro (2003) a alternativa mais frequentemente utilizada para amenizar a influência dessa interação é a recomendação de cultivares com ampla adaptabilidade e estabilidade. Cruz; Carneiro (2003) definem adaptabilidade como sendo a capacidade dos genótipos aproveitarem vantajosamente o estímulo do ambiente, enquanto, a estabilidade refere-se à capacidade dos genótipos mostrarem um comportamento altamente previsível em função do estímulo do ambiente.

Quando verificada a existência da interação significativa entre genótipos e ambientes, utilizam-se técnicas para identificar genótipos adaptados e estáveis em ambientes específicos (DIAS *et al.*, 2009). Na identificação do genótipo ideal é necessária a realização de experimentos nas diferentes condições ambientais em que os genótipos serão avaliados para os caracteres de interesse (CARGNIN *et al.*, 2006).

O tomateiro, originário da região andina, apresenta uma grande variabilidade de gêneros e se adapta bem a diversas regiões. A vasta quantidade de espécies e cultivares disponíveis no mercado reflete suas diferentes respostas às condições de luz, CO₂, temperatura, água e nutrientes, permitindo seu crescimento em climas que vão do tropical de altitude ao temperado, em várias altitudes (TEIXEIRA, 2022).

Apesar da importância da cultura do tomateiro, são poucos os experimentos que avaliaram a estabilidade de genótipos de tomate tanto para características quantitativas como qualitativas, podendo ser citados os de POYSA *et al.* (1986), BERRY *et al.* (1988) e ORTIZ; IZQUIERDO (1994).

A adaptabilidade e estabilidade de híbridos de tomateiro em temperaturas elevadas foi estimada por Pereira *et al.* (2012), em Tocantins, Brasil. Os autores observaram que os tipos de tomate longa vida Tyler, Rebeca, AF 13364, AF 13525 e AF 13527 são promissores por apresentarem elevada produtividade de frutos, ampla adaptabilidade e alta estabilidade, em condições de temperatura elevada. Observaram para tamanho de fruto que os híbridos Tyler, Michelli e AF 11097 foram os únicos classificados de ampla adaptabilidade e alta estabilidade. Os genótipos que possuem o alelo *rin* são mais produtivos que os de fruto normal no período de inverno.

Gualberto *et al.* (2002) estudando o desempenho produtivo, adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de tomateiro, observaram que a cultivar Carmem apresentou rendimento superior ao da média geral dos ensaios, considerando ambiente protegido e campo.

Araújo Pena *et al.* (2010) ao avaliar progênies de tomateiro em ambientes de solo seco e várzea infestados com *Rausthonia solanacearum* identificaram duas progênies

avanzadas L-3-2002 e L-4-2002 adaptadas que demonstraram estabilidade, rusticidade e produtividade, quando comparadas ao Santa Cruz Kada, mesmo sendo pouco responsivas à melhoria ambiental, em se tratando dos caracteres produtivos. Ainda identificaram que as progênies avanzadas do grupo Yoshimatsu L-1-2002, L-2-2002, L-3-2002 e L-4-2002 apresentaram melhores desempenhos em relação a cultivar Yoshimatsu 4-11, para características de resistência à murcha bacteriana e rendimento de frutos, sob condições de cultivo em ambientes com solos naturalmente infestados pelo patógeno.

Doze genótipos de tomateiro foram submetidos a ambientes com estresse salino para estudos de adaptabilidade e estabilidade (DA SILVA OLIVEIRA *et al.*, 2022). As estimativas identificaram como genótipo mais adaptável ao estresse salino, Maestrina, Onix, Pizzadoro e Shanty, em condição de estresse salino moderado e severo. O genótipo Onix foi mais tolerante aos efeitos da irrigação salina moderada, enquanto os genótipos Sheena, Sperare, Santa Clara, IPA 6 e Dominador, apresentaram menores perdas sob condições severas de estresse salino.

Diante do apresentado em revisão, entendemos que para diminuir as perdas em pós-colheita de frutos de tomateiro, com uso de alelos mutantes de amadurecimento, sem que haja perda de qualidade, devemos associar simultaneamente genes de síntese de licopeno, como o *og^c* e/ou *hp*, sem que haja reflexos negativos na produtividade. Ainda, devemos considerar que ao selecionar genótipos em populações segregantes, com fins de obtenção de linhagens isogênicas, que serão utilizadas em cruzamentos para obtenção de híbridos, estas apresentam adaptabilidade e estabilidade, seja local ou temporal.

3 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- AHRENS, M. J.; HUBER, D. J. Physiology and firmness determination of ripening tomato fruit. **Physiologia Plantarum**. Copenhagen, v. 78, n. 1, p. 8-14, Jan. 1990.
- ALMEIDA, E. I. B.; RIBEIRO, W. S. COSTA, L. C. da; LUCENA, H. H. de; BARBOSA, J. A. Levantamento de perdas em hortaliças frescas na rede varejista de Areia (PB). **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável**, v. 2, n. 1, jul. 2012. Disponível em: <https://doi.org/10.21206/rbas.v2i1.58>. Acesso em: 20 abr. 2024.
- ANDRADE JUNIOR, V.C. et al. Produção e qualidade de frutos de híbridos de tomateiro portadores de alelos mutantes de amadurecimento e coloração. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 40, p. 555-561, 2005.
- ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, Roma, v. 46, n. 1, p. 269-278, 1992.
- ARAÚJO PENA, M. A.; NODA, H.; MACHADO, F. M.; PAIVA, M. S. Adaptabilidade e estabilidade de genótipos de tomateiro sob cultivo em solos de terra firme e várzea da amazônia infestados por *Ralstonia solanacearum*. **Bragantia**, v. 69(1), p. 27–37, 2010. <https://doi.org/10.1590/S0006-87052010000100005>
- ARAÚJO, M. L.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; OLIVEIRA, A. C. B. Intra and interlocus interactions between alcobaça (alc), crimson (ogc) and high pigment (*hp*) loci in tomato *Lycopersicon esculentum* Mill. **Euphytica**, Wagenigen, v. 125, n. 2, p. 215-225, 2002.
- BAI, Y.; PIM, L. Domestication and Breeding of Tomatoes: What have We Gained and What Can We Gain in the Future? **Annals of Botany** 100, 1085 -1094, 2007.
- BABAK, O. G.; NEKRASHEVICH, N. A.; YATSEVICH, K. K.; MALYSHEV, S. V.; KILCHEVSKY, A. V. Genetic bases of tomato marker-assisted selection in Belarus. **The EuroBiotech Journal**, vol.2, no.2, pp.128-135, 2018.
- BARRET, D. M.; ANTHON, G. Lycopene content of California-grow tomato varieties. **Acta Horticulturae**, Amsterdam, v. 542, p-165-199, 2001.
- BARRY, C.S.; GIOVANNONI, J.J. Ripening in the tomato Green-ripe mutant is inhibited by ectopic expression of a protein that disrupts ethylene signaling. **PNAS**, v. 10, n. 20, p. 7923–7928, 2006.
- BAUCHET, G.; CAUSSE, M. **Genetic diversity in tomato (*Solanum lycopersicum*) and its wild relatives**. In: Genetic diversity in plants, ÇALISKAN, M. (ed), Ed. InTech, Croácia, p. 133-163, 2012.
- BENITES, F. R. G.; MALUF, W. R.; PAIVA, L. V.; FARIA, M. V.; JUNIOR, V. C. A.; GONÇALVES, L. D. Allelism test between the alcobaça and non-ripening mutants in tomato plants. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, Edição Especial, p. 1669-1673, 2010.
- BERRY, S. Z.; UDDIN, M. R.; GOULD, W. A.; BISGES, A. D.; DYER, G. D. Stability in fruit yield, soluble solids and citric acid of eight machine-harvested processing tomato

cultivars in Northern Ohio. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 113, n. 4, p. 604-608, 1988.

BUESCHER, R. W.; SISTRUNK, W. A.; TIGCHELAAR, E. C.; NG, T. J. Softening, pectolytic activity, and storage-life of *rin* and *nor* tomato hybrids. **HortScience**, Alexandria, v. 11, n. 6, p. 603-604, Dec. 1976.

BUESCHER, R. W.; TIGCHELAAR, E. C. Pectinesterase, polygalacturonase, ex-cellulase activities and softening of the *rin* tomato mutant. **HortScience**, Alexandria, v. 10, n. 6, p. 624-625, Dec., 1975.

CÁ, J. A.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; NASCIMENTO, I. R.; FARIA, M. V.; LICURSI, V.; MORETTO, P. Híbridos de tomateiro longa-vida com frutos de maior intensidade de coloração. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.9, p.1377- 1384, set., 2006.

CAIXETA FILHO, J.V. Transportes de produtos agrícolas: sobre a questão das perdas. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 34, n. 3, p. 173-199, 2019. Disponível em: <http://www.resr.periodikos.com.br/article/5d8915f00e8825b876c51226>. Acesso em: 07 abr. 2024.

CALBO, A. G.; NERY, A. A. Medida de firmeza em hortaliças pela técnica de aplanção. **Horticultura Brasileira**, Brasília. v. 13, n. 1, p. 14-18, maio 1995.

CARGNIN, A.; SOUZA, M.A.; CARNEIRO, P.C.S.; SOFIATTI, V. Interação entre genótipos e ambientes e implicações em ganhos com seleção em trigo. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p. 987-993, 2006.

CARGNELUTTI FILHO, A.; PERECIN, D.; MALHEIROS, E. B.; GUADAGNIN, J. P. Comparação de métodos de adaptabilidade e estabilidade relacionados à produtividade de grãos de cultivares de milho. **Bragantia**, Campinas, v. 66, n. 4, p. 571-578, 2007.

CHAVES, L. J. Interação de genótipos com ambientes. In: NASS, L. L.; VALOIS, A. C. C.; MELO, I. S.; VALADARES-INGLIS, M. C. (Ed.). **Recursos Genéticos & Melhoramento de Plantas. Rondonópolis**. Fundação de Apoio à Pesquisa Agropecuária de Mato Grosso, 2001. p. 673-713.

CASALS, J.; RULL, A.; GINÉ-BORDONABA, J. Changes in Ripening-Related Quality Traits of Long Shelf Life Tomatoes as Influenced by Water Deficit and Short-Term Postharvest Storage. **Agronomy**, 11, 2304, 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112304>

CHITARRA, M. I. F.; CHITARRA, A. B. **Pós-colheita de frutos e hortaliças – Fisiologia e manuseio**. Lavras: UFLA/FAEPE. 320 p. 1990.

CHITARRA, M.I.F.; CHITARRA A.B. **Pós-colheita de frutos e hortaliças fisiologia e manuseio**. 2. ed. Lavras, UFLA. 783 p. 2005.

CHUNGUI, L.; HELIN, X.; RONGCHANG, Y.; WENGUI, Y. Physiological and biochemical characters of the *alc*, *nor* and *rin* ripening mutants in tomato and application in breeding for storage property. **Acta Horticulturae**, Amsterdam, v. 402, p. 141-150, 1996.

CIGLIANO, R. A.; AVERSANO, R.; DI MATTEO, A.; PALOMBIERI, S.; TERMOLINO, P.; ANGELINI, C.; BOSTAN, H.; CAMMARERI, M.; CONSIGLIO, F. M.; RAGIONE, F. D.; PAPARO, R.; VALKOV, V. T.; VITIELLO, A.; CARPUTO, D.; CHIUSANO, M. L.; D'ESPOSITO, M.; GRANDILLO, S.; MATARAZZO, M. R.; FRUSCIANTE, L.; D'AGOSTINO, N.; CONICELLA, C. Multi-omics data integration provides insights into the post-harvest biology of a long shelf-life tomato landrace, **Horticulture Research**, Volume 9, 2022.

CONG, B.; BARRERO, L.; TANKSLEY, S. Regulatory change in YABBY-like transcription factor led to evolution of extreme fruit size during tomato domestication. **Nat Genet**, v. 40, p. 800–804, 2008. <https://doi.org/10.1038/ng.144>

CROOKES, P. R.; GRIERSON, D. Ultrastructure of tomato fruit ripening and the role of polygalacturonase isoenzymes in cell wall degradation. **Plant Physiology**, Rockville, v. 72, n. 4, p. 1088-1093, Aug. 1993.

CRUZ, C. D.; TORRES, R. A.; VENCOVSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva e Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v. 12, n. 3, p. 567-580, 1989.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa: UFV, p. 390, 1997.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, v. 2, 2003.

CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. v.1. 4 ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514 p.

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

DA SILVA OLIVEIRA, C.E; ZOZ, T.; JALAL, A.; VENDRUSCOLO, E.P.; NOGUEIRA, TAR; JANI, A.D; TEIXEIRA FILHO, M.C.M. Tolerância e Adaptabilidade de Genótipos de Tomate à Irrigação Salina. **Crops**. v. 2, p. 306-322, 2022. <https://doi.org/10.3390/crops2030022>

FREITAS, J. A.; MALUF, W. R.; AZEVEDO, S. M. DE; BRAGA, R. DE S.; GOMES, L. A. A. Efeito dos alelos ALC, OGC, HP e heterose em características de produção do tomateiro. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 21, p. 439-446, 14 nov. 1999.

DELLA VECCHIA, P. T.; KOCH, P. S. Tomates longa vida: O que são, como foram desenvolvidos? **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 18, n. 1, p. 3-4, março 2000.

DELLAPENNA, D.; KATES, D. S.; BENNETT, A. B. Polygalacturonase gene expression in Rutgers, *rin*, *nor*, and *Nr* tomato fruits. **Plant Physiology**, Baltimore, v. 85, n. 2, p. 502-507, Oct. 1987.

DIAS, T. J. M.; et al. Alcobaça allele and genotypic backgrounds affect yield and fruit shelf life of tomato hybrids. **Scientia Agricola**. v. 60, n. 2, pp. 269-275, 2003.

DIAS, F. T. C. *et al* Adaptabilidade e estabilidade fenotípica para o caráter rendimento de

grãos em cultivares de soja para o Estado do Ceará. **Revista Ciência Agronômica**, v. 40, n. 01, 129-134, 2009.

EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Science*, Madison, v. 6, n. 1, p. 36-40, 1966.

FAO – FAOSTAT. The Food and Agriculture Organization Corporate Statistical on the United Nations. **Database Results.** Disponível em: <<https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL>>. Acesso em: 08 abr. 2024.

FARIA, M. V.; MALUF, W. R.; AZEVEDO, S. M. de; ANDRADE JUNIOR, V. C. de; GOMES, L. A. A.; MORETTO, P.; LICURSI, V. Yield and post-harvest quality of tomato hybrids heterozygous at the loci alcobaça, old gold-crimson or high pigment **Genetics and Molecular Research**, v.2, p.317-327, 2003.

FARIA, M. V.; MALUF, W. R.; DE RESENDE, J. T. V.; ANDRADE JUNIOR, V. C.; NASCIMENTO, I. R.; BENITES, F. R. G.; DE MENEZES, C. B.; AZEVEDO, S. M. Rin, nor(A), og(c) and hp mutants in tomates with different genetic backgrounds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.41, p.793-800, 2006. DOI: 10.1590/S0100-204X2006000500011.

FINLAY, K. W.; WILKINSON, G. N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Australian Journal of Agricultural Research**, Melbourne, v. 14, n. 3, p. 742-754, 1963.

FURQUIM, M.G.D.; NASCIMENTO, A. DOS R.; SOUZA, C.B. DE. Panorama geral da tomaticultura no Estado de Goiás: uma análise descritiva a partir de um levantamento bibliográfico. **Pesquisa, Sociedade e Desenvolvimento**, [S. l.], v. 7, pág. e955974310, 2020. doi: 10.33448/rsd-v9i7.4310.

FURQUIM, M. G. D.; NASCIMENTO, A. R.; CORCIOLI, G.. Aspectos gerais sobre a tomaticultura de mesa: uma revisão sistemática de literatura. **Revista Ibero Americana de Ciências Ambientais**, v.12, n.9, p.598-610, 2021.

GIORDANO, L. B. de; RIBEIRO, C. S. C. **Origem, botânica e composição química do fruto. In: Tomate para processamento industrial.** Brasília: Embrapa/Comunicação para transferência de tecnologia. Embrapa Hortaliças, p.12-17, 2000.

GIOVANELLI, G.; LACELLI, V.; PERI, C.; NOBILI, S. The antioxidante activity of tomato. II. Effects of vine and post-harvested ripening. **Acta Horticulturae**, Amsterdam, v. 542, p.211-217, 2001.

GIOVANNONI, J. J. Genetic control of fruit quality, and prospects for nutriente modification. **HortScience**, Alexandria, v. 37, n. 3, p. 9-12, June 2002.

GIOVANNONI, J. J.; NOENSIE, E. N.; RUEZINSKY, D. M.; LU, X.; TRACY, S. L.; GANAL, M. W.; MARTIN, G. B.; PILLENT, K.; ALPERT, K.; TANKSLEY, S. D. Molecular genetics analysis of the *ripening-inhibitor* and *non-ripening* loci of tomato: a first step in genetic map-based cloning of fruit *repening* genes. **Molecular & General Genetics**, New York, v.248, n. 2, p.195-206, July 1995.

GONÇALVES, L. S. A.; RODRIGUES, R.; SUDRÉ, C. P.; BENTO, C. S.; MOULIN, M. M.; ARAÚJO, M. L.; DAHER, R. F.; PEREIRA, T. N. S.; PEREIRA, M. G. Divergência genética em tomate estimada por marcadores RAPD em comparação com descritores multicategóricos. **Horticultura Brasileira**, v. 26, n. 3, p. 364-370, 2008.

GUALBERTO, R.; BRAZ, L. T.; BANZATTO, D. A. Produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica de genótipos de tomate sob diferentes condições de ambiente. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 37, n. 01, p.81-88, 2002.

GUERRA, A. M. N.; DE AZEVEDO FERREIRA, J. B.; COSTA, A. C. M.; TAVARES, P. R. F.; MARACAJÁ, P. B. Perdas pós-colheita em tomate, pimentão e cebola no mercado varejista de Santarém – PA. **Agropecuária científica no semiárido**, v. 10, n. 3, p. 08-17, 2014. Disponível em: <http://dx.doi.org/10.30969/acsa.v10i3.531>. Acesso em: 21 abr. 2024.

HUEHN, M. Nonparametric measures of phenotypic stability. Part 1: Theory. *Euphytica*, Wageningen, v. 47, n. 3, p. 189-194, 1990.

ITO, Y.; SEKIYAMA, Y.; NAKAYAMA, H.; NISHIZAWA-YOKOI, A.; ENDO, M.; SHIMA, Y.; NAKAMURA, N.; KOTAKE-NARA, E.; KAWASAKI, S.; HIROSE, S.; TOKI, S. Allelic Mutations in the Ripening -Inhibitor Locus Generate Extensive Variation in Tomato Ripening. **Plant Physiology**, Volume 183, Issue 1, P. 80–95, 2020.

ITO, Y.; NAKAMURA, N.; KOTAKE-NARA, E. Semi-dominant effects of a novel ripening inhibitor (*rin*) locus allele on tomato fruit ripening. **Plos one**, 16 (4): e0249575, 2021.

JARRET, R. L.; SAYAMA, H.; TIGCHELAAR, E. C. Pleiotropic effects associated with the chlorophyll intensifier mutations *high pigment* and *dark green* in tomato. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 109, n. 6, p. 873-878, Nov., 1984.

KADER, A. A.; MORRIS, L. L.; STEVENS, M. A.; ALBRIGHT-HOLTON, M. Composition and flavor quality of fresh market tomatoes as influenced by some postharvest handling procedures. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 103, n. 1, p. 6-23, Jan., 1978.

KOPELIOVITCH, E.; RABINOWITCH, H. D.; MIZRAHI, Y.; KEDAR, N. The potencial of ripening mutants for extending the storage life of the tomato fruit. **Euphytica**, Wagenigen, v. 28, n. 1, p. 99-104, Feb. 1979.

KOPELIOVITCH, E.; MIZRAHI, Y.; RABINOWITCH, H. D.; KEDAR, N. Effect of the fruit-ripening mutant genes *rin* and *nor* on the flavor of tomato fruit. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 107, n. 3, p. 361-364, May, 1982.

KOVÁCS, K.; FRAY, R. G.; TIKUNOV, Y.; GRAHAM, N.; BRADLEY, G.; SEYMOUR, G. B.; BOVY, A. G.; GRIERSON, D. Effect of tomato pleiotropic ripening mutations on flavour volatile biosynthesis. **Phytochemistry**, v. 70, n. 8, p.1003-1008, 2009.

KUMAR, R.; TAMBOLI, V.; SHARMA, R.; SREELAKSHMI, Y. NAC-NOR mutations in tomato Penjar accessions attenuate multiple metabolic processes and prolong the fruit shelf life, **Food Chemistry**, Volume 259, Pages 234-244, 2018.

KUMARI, C.; SHARMA, M.; KUMAR, V.; SHARMA, R.; KUMAR, V.; SHARMA, P.;

KUMAR, P.; IRFAN, M. Tecnologia de edição de genoma para melhoria genética de frutas e vegetais para aliviar a perda pós-colheita. **Bioengenharia**, 9, 176, 2022. Disponível em: <<https://doi.org/10.3390/bioengineering9040176>>. Acesso em: 9 abr. 2024.

LAMPE, C.; WATADA, A. E. Pastharvest quality of high pigment and *crimson* tomato fruit. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 96, n. 4, p. 534-535, July 1971.

LI, S.; ZHU, B.; PIRRELLO, J.; XU, C.; ZHANG, B.; BOUZAYEN, M.; CHEN, K.; GRIERSON, D. Roles of RIN and ethylene in tomato fruit ripening and ripening-associated traits. **New Phytol**, 226: 460-475, 2020.

LI, S.; CHEN, K.; GRIERSON, D. Molecular and Hormonal Mechanisms Regulating Fleshy Fruit Ripening. **Cells**. 10 (5), 1136, 2021.

LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, Ottawa, v. 68, n. 3, p. 193-198, 1988.

LINCOLN, J.; FISCHER, R. Regulation of expression by ethylene in wild-type and rin tomato (*Lycopersicon esculentum*) fruit. **Plant Physiology**, Rockville, v. 88, p. 370-374, 1988.

LINCOLN, R. E.; PORTER, J. W. Herança de Betacaroteno em tomates. **Genética**, v. 35, p. 206-211, 1950.

LOBO, M.; BASSET, M. J.; HANNAH, L. C. Inheritance and characterization of the fruit ripening mutation in 'alcobaca' tomato. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 109, n. 5, p. 741-745, Sept. 1984.

LÓPEZ, J.; RUIZ, R. B.; BALLESTEROS, R.; CIRUELOS, A.; ORTIZ, R. Color and lycopene content of several commercial tomato varieties at different harvesting dates. **Acta Horticulturae**, Amsterdam, v. 542, p.243-245, 2001.

LYONS, J. M.; PRATT, H. K. Effect of stage of maturity and ethylene treatment on respiration and ripening of tomato fruits. **Proceedings of American Society for Horticultural Science**, New York, College Park, v. 84, p. 491-500, June 1964.

MABBETT, T. H. Control of texture in tomatoes nears reality. **Agriculture International**, London, v. 41, n. 7, p. 239-240, July 1989.

MACHADO, T. D. A., FERNANDES, H. C., MEGGUER, C. A., SANTOS, N. T., & SANTOS, F. L. Perdas quantitativas e qualitativas dos frutos de tomate durante a colheita mecanizada. **Rev. bras. eng. agric. ambient.**, v. 22, n. 11, p. 799-803, nov. 2018.

MALUF, W. R.; MACIEL, G. M.; GOMES, L. A. A.; CARDOSO, M. G.; GONÇALVES, L. D.; SILVA, E. C.; KNAPP, M. Broad-spectrum arthropod resistance in hybrids between high- and low-acylsugar tomato lines. **Crop Science Society of Americ**, v. 50, n. 2, p.439-450, 2010.

MAIA, M. C. C.; VELLO, N. A.; ARAÚJO, L. B.; DIAS, C. T. S.; OLIVEIRA, L. C.; ROCHA, M. M. Interação genótipo x ambiente com uso da análise de componentes principais

para populações de soja selecionadas para resistência a insetos. **Revista Brasileira de Biometria**, Jaboticabal, v. 31, n. 1, p. 13-27, 2013.

MATOS, E.S.; SHIRAHIGE, F. H.; MELO, P.C.T. de. Desempenho de híbridos de tomate de crescimento indeterminado em função de sistemas de condução de plantas. **Hortic Bras.** Apr; 30 (2): 240-5, 2012.

MELO, P. S. **Composição química e atividade biológica de resíduos agroindustriais**. 2010. 100f. Dissertação (Mestrado em Ciência e Tecnologia de Alimentos) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba, 2010.

MENDONÇA, O.; CARPENTIERI-PÍPOLO, V.; GARBUGLIO, D. D.; FONSECA JUNIOR, N. S. Análise de fatores e estratificação ambiental na avaliação da adaptabilidade e estabilidade em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 42, n. 11, p. 1567-1575, 2007.

MOORE, S.; VREBALOV, J.; PAYTON, P.; GIOVANNONI, J. Use of genomics tools to isolate key ripening genes and analyse fruit maturation in tomato. **Journal of experimental Botany**, Oxford, v. 53, n. 377, p. 2023-2030, Oct. 2002.

MOURA, M. L.; FINGER, F. L.; MIZOBUTSI, G. P.; GALVÃO, H. L., Fisiologia do amadurecimento na planta do tomate 'Santa Clara' e do mutante 'Firme' **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 23, n. 1, p.81-85, jan/mar. 2005.

MUTSCHLER, M. A. Inheritance and linkage of the 'alcobaca' ripening mutante tomato. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 109, n. 4, p. 500-503, July 1984.

MUTSCHLER, M. A.; WOLFE, D. W.; COBB, E. D.; YOURSTONE, K. S. Tomato fruit quality and shelf life in hybrids heterozygous for the alc ripening mutant. **HortScience**, Alexandria, v.27, n.4, p.352-355, Apr. 1992.

NATALINI, A.; ACCIRRI, N.; CARDI, T. Breeding for Nutritional and Organoleptic Quality in Vegetable Crops: The Case of Tomato and Cauliflowe **Agriculture**, 11, 606, 2021.

NG, T. J.; TIGHELLAAR, E. C. Action of the non-ripening (nor) mutant on fruit ripening of tomato. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Mount, v. 102, n. 4, p. 504-509, July 1977.

NIE, H.; YANG, X.; ZHENG, S.; HOU, L. Desenvolvimentos baseados em genes para melhorar a qualidade do tomate: foco na firmeza, vida útil e adaptações ao estresse pré e pós-colheita. **Horticulturae**. v. 10, p. 641, 2024. <https://doi.org/10.3390/horticulturae10060641>

NJUME, C. A.; NGOSONG, C.; KRAH, C. Y.; MARDJAN, S. **Tomato food value chain: managing postharvest losses in Cameroon**. In: IOP Conference Series: Earth and Environmental Science., 1., 2020. Anais [...] IOP Publishing, 2020.

ORTIZ, R.; IZQUIERDO J. Yield stability differences among tomato genotypes grown in Latin America and the Caribbean. **HortScience**, Alexandria, v. 29, n. 10, p. 1175-1177, 1994.

OSEI, M. K.; DANQUAH, E.; DANQUAH, A.; MASSOUDI, M.; MAXWELL, D.; ADU-

DAPAAH, H.; BLAY, E. Validation of SNP marker linked to alc gene for long shelf life of tomato. **Journal of Crop Improvement**, 33:5, 669-682, 2019.

PAULA, J.; T. et al. Características físico-químicas e compostos bioativos em frutos de tomateiro colhidos em diferentes estádios de maturação. **Horticultura Brasileira**. v. 33, n. 4, pp. 434-440, 2015.

PERALTA, I. E.; KNAPP, S.; SPOONER, D.M. Nomenclature for wild and cultivated tomatoes. **Tomato Genet. Coop. Rep**, v. 56, 2006.

PEREIRA, M. A. B.; AZEVEDO, S. M.; DE FREITAS, G. A.; DE SANTOS, G. R.; NASCIMENTO, I. R. Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de tomateiro em condições de temperatura elevada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 43(2), p. 330-337, 2012. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000200016>

POYSA, V. W.; GARTON, R.; COURTNEY, W. H.; METCALF, J. G.; MUEHMER, J. Genotype-environment interactions in processing tomatoes in Ontario. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 111, n. 2, p. 293-297, 1986.

PLAISTED, R. L.; PETERSON, L. C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in different locations and seasons. **American Potato Journal**, Orono, v. 36, n. 2, p. 381-385, 1959.

PRADO, E. E.; HIROMOTO, D. M.; GODINHO, V. P. C.; UTUMI, M. M.; RAMALHO, A. R. Adaptabilidade e estabilidade de cultivares de soja em cinco épocas de plantio no cerrado de Rondônia. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 36, n. 4, p. 625-635, 2001.

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

RESENDE, J. M. et al. Atividade de enzimas pectinametilesterase e poligalacturonase durante o amadurecimento de tomates do grupo multilocular. **Horticultura Brasileira**. v. 22, n. 2, pp. 206-212, 2004.

RICHARDSON, C.; HOBSON, G. E. Compositional changes in normal and mutant tomato fruit during ripening and storage. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, London, v. 40, n. 3, p. 245-252, 1987.

RINALDI, M. M.; SANDRI, D.; OLIVEIRA, B. N.; SALES, R. N.; AMARAL, R. D. A. Avaliação da vida útil e de embalagens para tomate de mesa em diferentes condições de armazenamento. **B.CEPPA**, Curitiba, v.29, n.2, p.305-316, jul./dez. 2011.

RONEN, G.; CARMEL-GOREN, L.; ZAMIR, D.; HIRSCHBERG, J. An alternative pathway to beta-carotene formation in plant chromoplasts discovered by map-based cloning of beta and old-gold color mutations in tomato. **Proc Natl Acad Sci, USA**, Sep 26;97(20):11102-7, 2000.

ROOHANITAZIANI, R.; LAMMERS, M.; MOLTHOFF, J.; TIKUNOV, Y.; DEKENS, M. F.; VISSER, R. G. F.; VAN ARKEL, J.; FINKERS, R.; MAAGD, A. D. R.; BOVY, R.G. Phenotyping of a diverse tomato collection for postharvest shelf-life, **Postharvest Biology**

and Technology, Volume 188, 111908, 2022.

ROYCHOUDHURY, A. Ripening Inhibitor (RIN): A master switch in the molecular regulation of ethylene-dependent climacteric fruit ripening. **International Journal of Recent Innovation in Food Science & Nutrition**. 4, 2021.

SAAVEDRA, T. M.; FIGUEROA, G. A.; CAUIH, J. G. D. Origin and evolution of tomato production *Lycopersicon esculentum* in México. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.47, n.3, 2017.

SALAZAR, L. F. B. **Caracterização de determinantes genéticos envolvidos na qualidade industrial e nutricional do fruto de tomate**. 2011. 222 p. Tese (Doutorado em Ciências) – Universidade de São Paulo, São Paulo, 2011.

SANTOS JUNIOR, A. M.; MALUF, W. R.; FARIA, M. V.; LIMA, L. C. O.; CAMPOS, K. P.; LIMA, H. C.; ARAÚJO, F. M. M. C. Comportamento pós-colheita das características químicas, bioquímicas e físicas de frutos de tomateiros heterozigotos nos locos alcobaça e ripening inhibitor. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.27, n.4, p.749-757, jul./ago., 2003.

SANTOS JUNIOR, et al. Produção, qualidade e conservação de tomates heterozigotos nos locos alcobaça, nonripening e ripening inhibitor. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**. v. 40, n. 12, pp. 1203-1210, 2005.

SANTOS, D. C. **Produção e qualidade de frutos de híbridos de tomateiro quanto à coloração e conservação pós-colheita**. 2012. 99 p. Tese (Doutorado) – Universidade Federal de Lavras, Lavras, MG, 2012.

SCHMILDT, E. R.; NASCIMENTO, A. L.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, J. A. R. Avaliação de metodologias de adaptabilidade e estabilidade de cultivares milho. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 33(1), p. 51–58, 2011.

SCHWARZ, K.; RESENDE, J.T.V.; PRECZENHAK, A.P.; PAULA, J.T.; FARIA, M.V.; DIAS, D.M. Desempenho agrônômico e qualidade físico-química de híbridos de tomateiro em cultivo rasteiro. **Horticultura Brasileira**, 31: 410-418, 2013.

SILVA, J. G. C.; BARRETO, J. N. **Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente**. In: SIMPÓSIO DE ESTATÍSTICA APLICADA À EXPERIMENTAÇÃO AGRONÔMICA, 1985, Campinas. Anais... Campinas: Fundação Cargill, 1985. p. 49-50.

DA, W. C. J.; DUARTE, J. B. Métodos estatísticos para estudo de adaptabilidade e estabilidade fenotípica em soja. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v. 41, n. 1, p. 23-30, 2006.

STEELE, N. A.; McCANN, M. C.; ROBERTS, K. Pectin modification in cell walls of ripening tomatoes occurs in distinct domains. **Plant Physiology**, Washington, v. 114, n. 1, p. 373-381, May 1997.

TAI, G. C. C. Genotype stability analysis and its application to potato regional trials. **Crop Science**, Madison, v. 11, n. 1, p. 184-190, 1971.

TANKSLEY, S.D.; GRANDILLO, S.; FULTON, T.M.; ZAMIR, D.; ESHED, Y.; PETIARD, V.; LOPEZ, J.; BECK-BUNN, T. Advanced backcross QTL analysis in a cross between an

elite processing line of tomato and its wild relative *L. pimpinellifolium*. **Theoretical and Applied Genetics**, v.92, p.213-224, 1996.

TANKSLEY, S.D. The Genetic, Developmental, and Molecular Bases of Fruit Size and Shape Variation in Tomato. **The Plant Cell Online**, v.16, p. S181 - S189, 2004.

TEIXEIRA, F.M. V. Cultivos – Tomate. Ageitec – Agência Embrapa de Informação Tecnológica. **Embrapa Hortaliças**. 2022. Disponível em: <<https://www.embrapa.br/agencia-de-informacao-tecnologica/cultivos/tomate/pre-producao/caracteristicas>>. Acesso em: 12 abr. 2024.

TIEMAN, D.; ZHU, G.; RESENDE, M.F. JR; LIN, T.; NGUYEN, C.; BIES, D.; RAMBLA, J.L.; BELTRAN, K.S.; TAYLOR, M.; ZHANG, B.; IKEDA, H.; LIU, Z.; FISHER, J.; ZEMACH, I.; MONFORTE, A.; ZAMIR, D.; GRANELL, A.; KIRST, M.; HUANG, S.; KLEE, H. A chemical genetic roadmap to improved tomato flavor. **Science**. Jan 27; 355(6323):391-394, 2017. doi: 10.1126/science.aal1556. PMID: 28126817.

TOMES, M. L.; QUACKENBUSH F. W.; MCQUISTAN M. Modificação e dominância do gene que governa a formação de altas concentrações de beta-caroteno no tomate. **Genética**, v. 39, ed. 6, p. 810–817, 1954.

THOMPSON, A. E.; HEPLER, R. W.; KER, E. A. Clarification of the inheritance of high total carotenoids pigments in the tomato. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 81, p. 434-442, 1962.

THOMPSON, A. E.; TOMES, M. L.; ERICKSON, H. T.; WANN, E. V.; ARMSTRONG, R. J. Inheritance of crimson fruit color in tomatoes. **Proceeding American Society for Horticultural Science**, College Park, v. 91, n. 2, p. 495-504, Dec. 1967.

THOMPSON, A. E.; TOMES, M. L.; WANN, E. V.; McCOLLU, J. P.; STONER, A.K. Characterization of crimson tomato fruit color. **Proceeding American Society for Horticultural Science**, College Park, v.86, n.1, p.610-616, July 1965.

TIGCHELAAR, E. C.; McGLASSON, W. B.; BUESCHER, R. W. Genetic regulation of tomato fruit ripening. **HortScience**, Alexandria, v. 13, n. 5, p. 508-513, Oct. 1978.

VERMA, M. M.; CHAHAL, G. S.; MURTY, B. R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and Applied Genetics**, Berlim, v. 53, n. 3, p. 89-91, 1978.

WANN, E. V.; JOURDAIN, E. L.; PRESSEY, R.; LYON, B. G. Effect of mutant genotypes *hp og^c* and *dg ogc* on tomato fruit quality. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 110, n. 2, p. 212-215, Mar., 1985.

WANN, E. V. Physical characteristics of mature green and ripe tomato fruit tissue of normal and firm genotypes. **Journal of American Society for Horticultural Science**, Mount Vernon, v. 121, n. 3, p. 380-383, May., 1996.

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökivalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Pflanzenzuchtung**, Berlim, v. 52, n. 1, p. 127-138, 1965.

YATES, F.; COCHRAN, W. G. The analysis of group of experiments. *Journal of Agricultural Science*, Cambridge, v. 28, n. 1, p. 556-580, 1938.

YEN, H. C.; SHELTON, B. A.; HOWARD, L. R.; LEE, S.; VREBALOV, J.; GIOVANNONI, J. J. The tomato *high-pigment* (*hp*) locus maps to chromosome 2 and influences plastome copy number and fruit quality. *Theoretical and Applied Genetics*, Berlin, v. 95, p. 1069-1079, 1997.

ZAMBON, F. R. A. **Comparação dos processos da maturação de tomate (*Lycopersicon esculentum*, Mill.) Kada, mutantes nor e rin e seus híbridos F1.** 45 p. Tese (Mestrado) – Universidade Federal de Viçosa, Viçosa, MG, 1984.

ZAMBRANO, J.; MOYEJA, J.; PACHECO, L. Efecto del estado de madurez en la composición y calidad de frutos de tomate. *Agronomia Tropical*, Maracay, v. 46, n. 1, p. 61-72, 1995.

ZHU, F.; JADHAV, S. S.; TOHGE, T.; SALEM, A. M.; LEE, M. J.; GIOVANNONI, J. J.; CHENG, Y.; ALSEEKH, S.; FERNIE, A. R. A comparative transcriptomics and eQTL approach identifies SIWD40 as a tomato fruit ripening regulator. *Plant Physiology*, Volume 190, Issue 1, Pages 250–266, 2022.

ZSOGON, A.; ERMÁK, C.; NAVES, T.; NOTINI, E.R.; EDEL, M.M.; WEINL, K.H.; FRESCHI, S.; VOYTAS, L.; KUDLA D.; PERES, J.L.E.P. Domestication of wild tomato using genome editing. *Nat. Biotechnol.* v. 36, p. 1211–1216, 2018.

4 ARTIGO A – CARACTERIZAÇÃO DE COMPONENTES DE PRODUÇÃO E DE QUALIDADE DE FRUTOS DE LINHAGENS DE TOMATEIRO, PORTADORAS DE ALELOS MUTANTES DE AMADURECIMENTO E GENES DE COLORAÇÃO DE FRUTOS

4.1 RESUMO

O tomateiro é um dos principais produtos hortícolas para consumo *in natura* e processamento no mundo, porém, caracterizado por grandes perdas em pós-colheita. O fruto maduro é altamente perecível, o que altera os atributos de qualidade, exigindo rápida comercialização após a colheita. Para reduzir as perdas em pós-colheita, adotar estratégias para retardar o amadurecimento e prolongar a vida de prateleira dos frutos é de fundamental importância. A utilização de alelos mutantes de amadurecimento, *ripening inhibitor (rin)*, *non ripening (nor)* e alcobaça (*nor^A*) tem sido empregado com sucesso para desacelerar o amadurecimento, sendo utilizados híbridos comerciais. Há também os genes de coloração *high pigment (hp)* e *old gold-crimson (ogc)*, que podem ser associados aos de amadurecimento para melhoria da qualidade num mesmo genótipo. A viabilidade e as vantagens da ação simultânea desses genes em heterozigose é comprovada, mas ainda não empregada em híbridos comerciais. Assim, objetivou-se caracterizar e selecionar linhagens de tomateiro conforme suas constituições fenotípicas para componentes de produção e de pós-colheita dos frutos. Foram utilizadas linhagens homozigotas para os alelos *rin*, *nor^A* e *ogc*. O experimento foi conduzido em casa-de-vegetação, em delineamento de blocos casualizados, com 32 tratamentos e 14 repetições. As variáveis analisadas foram produção, tamanho relativo do fruto, teor de sólidos solúveis, número de lóculos, firmeza e coloração dos frutos. Os dados foram submetidos ao índice da soma de postos, proposto por Mulamba e Mock (1978). Pelo índice hierárquico dos genótipos, diante dos critérios produtivos e de durabilidade pós-colheita selecionou-se 9 linhagens: BPX-477C-26-02-14-05, BPX-477C-26-02-04-10, BPX-477C-40-14-08-08, BPX-477C-25-01-08-01, BPX-477C-25-09-03-06, BPX-477C-25-16-11-14, BPX-477C-25-05-04-02, BPX-477C-25-27-15-09 e BPX-477C-25-05-04-06 como sendo as melhores dentro de cada grupo de genótipo: normal/crimson; crimson; alcobaça, *rin*; crimson/alcobaça; crimson/*rin*; alcobaça/*rin* e crimson/alcobaça/*rin*. Essas linhagens serão utilizadas em próxima etapa para cruzamentos com linhagens normais comerciais, com o objetivo de obter híbridos providos de frutos com melhor conservação pós-colheita, e que, simultaneamente mantenham características comerciais favoráveis, de rendimento e qualidade de frutos, em especial coloração vermelha intenso.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*. Extra longa vida. Alelos mutantes de amadurecimento. Genes de coloração de frutos. Licopeno.

4.2 ABSTRACT

Tomato is one of the main horticultural products for fresh consumption and processing in the world, but with many post-harvest losses. The fruit is perishable, which modifies its quality attributes, requiring rapid marketing after harvest. To reduce losses, adopting strategies to delay ripening and extend the shelf life of the fruit is important. Mutant ripening alleles, such as ripening inhibitor (*rin*), non-ripening (*nor*) and alcobaça (*nor^A*) are successfully used to delay ripening and are used in the production of commercial hybrids. Color genes, such as high pigment (*hp*) and old gold-crimson (*ogc*), can be associated with ripening mutants to

improve quality in the same genotype. The probability and advantages of the simultaneous action of these genes in heterozygosity are proven, but they are not used in commercial hybrids. Thus, the objective of this study was to characterize and select tomato lines according to their phenotypic constitution for production and post-harvest components of the fruits. Lines homozygous for the *rin*, *norA* and *ogc* alleles were used. The experiment was conducted in a greenhouse, in a randomized block design, with 32 treatments and 14 replicates. Productivity, fruit size, soluble solids, number of locules, firmness and color of the fruits were assessed. The data were subjected to the sum of ranks index, proposed by Mulamba and Mock (1978). Through the hierarchical index of genotypes, considering the productive and post-harvest durability criteria, 9 lines were selected: BPX-477C-26-02-14-05, BPX-477C-26-02-04-10, BPX-477C-40-14-08-08, BPX-477C-25-01-08-01, BPX-477C-25-09-03-06, BPX-477C-25-16-11-14, BPX-477C-25-05-04-02, BPX-477C-25-27-15-09 and BPX-477C-25-05-04-06, as the best within each genotype group: normal/crimson; crimson; alcobaça, *rin*; crimson/alcobaça; crimson/*rin*; alcobaça/*rin* e crimson/alcobaça/*rin*. These lines will be used in the next stage, in crosses, with the aiming at obtaining hybrids with better post-harvest conservation, and which, at the same time, meet commercial standards, with high productivity and fruit quality, especially intense red color and pronounced flavor.

Keyword: Extralong life. Mutant ripening alleles. Fruit color genes. Lycopene.

4.3 INTRODUÇÃO

Um dos principais desafios enfrentados dentro da cadeia produtiva do tomateiro é a alta perecibilidade natural dos frutos. As perdas de frutos de tomate, desde a colheita até a mesa do consumidor estão em torno de 21% (RINALDI *et al.*, 2011). No Brasil, as perdas pós-colheita representam alto prejuízo econômico para o setor varejista, em média de 600 milhões de reais por ano (COSTA NETA *et al.*, 2020). Estas perdas ocorrem por ação de fatores como condições de transporte, armazenamento, logística, fatores climáticos e a própria genética da cultivar (BENITES *et al.*, 2010; RINALDI *et al.*, 2011; CASALS *et al.*, 2021). O uso de embalagens inadequadas, manejo, manuseio e acondicionamento incorretos durante o fluxo de comercialização, classificação e padronização insatisfatórias e distância dos fornecedores são fatores que influenciam as perdas pós-colheita (GUERRA *et al.*, 2018, ALMEIDA *et al.*, 2021).

As características sensoriais dos frutos provêm do amadurecimento. Este processo consiste em um conjunto de alterações bioquímicas e fisiológicas que podem ser reguladas por meio de *background* genético e/ou por alelos mutantes de amadurecimento. O melhoramento visando à conservação pós-colheita dos frutos teve início com o emprego de uma mutação encontrada naturalmente na cultivar “Alcobaça”. Os alelos mutantes de ocorrência natural possuem efeitos pleiotrópicos, que interferem na respiração, na biossíntese de etileno, na degradação da parede celular e na produção de carotenoides (LEAL;

MIZUBUTI, 1975; DELLA VECCHIA; KOCH, 2000; MOORE *et al.*, 2002; NATALINI *et al.*, 2021; ROOHANITAZIANI *et al.*, 2022).

Conforme estudos de Poma *et al.* (2017) os frutos de tomateiro que apresentam os alelos *rin* (*ripening inhibitor*), *nor* (*non ripening*) e *nor^d* (*Alcobaça*) aumentam a vida pós-colheita, porém, prejudicam a coloração dos frutos. Em homozigose há uma mudança na síntese de licopeno e betacaroteno, tornando os frutos *nor* e *nor^d* amarelo-alaranjados e, aqueles com o alelo *rin*, amarelados (SANTOS JÚNIOR *et al.*, 2005; ITO *et al.*, 2021).

Contudo, esses alelos em heterozigose condicionam a produção de frutos com coloração final aceitável e prolongamento do tempo de prateleira, permitindo sua utilização em híbridos comerciais. Há relatos que a dupla combinação *nor⁺/nor^d rin⁺/rin*, assim como *nor⁺/nor rin⁺/rin* se apresenta promissora, superando heterozigotos simples *nor⁺/nor^d*, *rin⁺/rin* e *nor⁺/nor* em relação a firmeza dos frutos (BENITES *et al.*, 2010; KUMAR *et al.*, 2018).

O alelo alcobaça (*nor^d/nor^d*) em heterozigose aumenta a firmeza dos frutos, não afeta negativamente o teor de licopeno, produção, tamanho de cicatriz peduncular, formato e o peso dos frutos. Porém, tende a reduzir o teor de betacaroteno (KOPELIOVITCH *et al.*, 1979; ARAÚJO *et al.*, 2002). Já o alelo *nor* em heterozigose tende a resultar em características de amadurecimento consideradas intermediárias entre frutos normais e aqueles classificados como “longa vida” (BUESCHER; TIGCHELAAR, 1975; FARIA *et al.*, 2003; KUMAR *et al.*, 2018).

Os efeitos indesejáveis dos alelos mutantes de amadurecimento sobre a coloração dos frutos podem ser minimizados com a introgressão de alelos envolvidos na síntese de licopeno, como *high pigment* (*hp*) e *old gold crimson* (*og^c*) em híbridos (THOMPSON *et al.*, 1967; FARIA *et al.*, 2006).

O mutante crimson é um gene recessivo, o qual, quando alélico ao gene *og^c*, confere por pleiotropia a coloração alaranjada das pétalas. Apresenta níveis de licopeno 75% mais altos que o normal em frutos mutantes e confere uma coloração avermelhada à polpa dos frutos (THOMPSON *et al.*, 1965; THOMPSON *et al.*, 1967).

O mutante *hp* resulta em elevado conteúdo de carotenoides em frutos maduros de tomate, além disso, é capaz de incrementar a qualidade dos frutos. Portanto, o emprego dos alelos *og^c* e/ou *hp* em heterozigose resulta em incremento nos teores de betacaroteno e licopeno, tornando a coloração dos frutos mais atrativa (THOMPSON *et al.*, 1962; CÁ *et al.*, 2006; BENITES *et al.*, 2010).

Objetivou-se com a presente pesquisa caracterizar e selecionar linhagens de tomateiro, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento e genes de coloração vermelha intenso com base em atributos de produção e qualidade de frutos.

4.4 MATERIAL E MÉTODOS

4.4.1 Local dos experimentos

Os experimentos de campo foram desenvolvidos nos anos de 2020 e 2021, na Fazenda Escola – FAZESC da Universidade Estadual de Londrina – UEL, Londrina, Paraná. A área experimental está situada sob as coordenadas 23°22'16" de latitude Sul e 51°10'00" de longitude Oeste. Segundo a classificação climática de Köppen, o clima da região é do tipo subtropical úmido (Cfa), com chuvas em todas as estações e verão quente. O solo da região é classificado como latossolo vermelho eutroférico (EMBRAPA, 2018).

As avaliações das características de qualidade e conservação pós-colheita dos frutos foram realizadas no Laboratório de Pesquisas em Hortaliças – LABHOR, localizado no Centro de Ciências Agrárias (CCA) da UEL.

4.5 OBTENÇÃO E CARACTERIZAÇÃO DO MATERIAL EXPERIMENTAL

Foram utilizadas 32 linhagens homocigotas portadoras os alelos *rin*, *nor*⁴ e *og*^c, com background para tomate do tipo salada. Essas linhagens diferem entre si quanto à constituição genética, relacionadas aos alelos mutantes de amadurecimento (longa vida) e de genes de síntese de licopeno (Tabela 1).

As linhagens são provenientes do programa de melhoramento genético de tomateiro do Professor Wilson Roberto Maluf, da Universidade Federal de Lavras, MG, que desenvolve os projetos de pesquisa em parceria com a Universidade Estadual de Londrina.

Tabela 1 – Linhagens portadoras de alelos mutantes de amadurecimento e gene de síntese de licopeno utilizadas no experimento e suas respectivas constituições genotípicas.

Genótipos	Descrição		
Tratamento/Linhagem	Background genético (mutantes)		
BPX-477C-26-02-03	<i>og</i> ^c / <i>og</i> ^c	<i>nor</i> ⁺ / <i>nor</i> ⁺	<i>rin</i> ⁺ / <i>rin</i> ⁺
BPX-477C-26-02-04	<i>og</i> ^c / <i>og</i> ^c	<i>nor</i> ⁺ / <i>nor</i> ⁺	<i>rin</i> ⁺ / <i>rin</i> ⁺
BPX-477C-26-02-14	<i>og</i> ^c / <i>og</i> ^c	<i>nor</i> ⁺ / <i>nor</i> ⁺	<i>rin</i> ⁺ / <i>rin</i> ⁺

BPX-477C-25-17-02	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-17-14	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-26-01	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-26-04	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-26-05	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-40-14-02	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-40-14-08	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-40-14-10	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-01-02	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-01-05	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-01-08	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-07-01	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-07-02	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-09-02	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-09-03	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-09-04	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-07-15	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-08-16	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-16-11	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-16-12	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-16-13	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-04	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-06	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-07	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-15	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-25-09	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-27-15	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-05-04	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-05-15	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>

Legenda: *old gold crimson* = *og^c*, *alcobaça* = *nor^A*, *ripening inhibitor* = *rin*. Os alelos *og^{c+}*, *nor⁺* e *rin⁺* indicam os alelos dominantes (condicionadores de fenótipos normais) no loco respectivo.

Fonte: Autora (2020).

Os genótipos foram semeados no dia 19/05/2020, utilizando-se caixas de polipropileno preenchidas com substrato comercial Carolina Soil® (Figura 1). Após 15 dias, as plântulas foram repicadas para bandejas de poliestireno expandido de 128 células, para formação de mudas de torrão. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação com temperatura média de 25 °C e umidade relativa do ar em torno de 80%. As bandejas foram irrigadas diariamente com auxílio de um regador, mantendo o substrato úmido (Figura 1).



Figura 1 – Produção de mudas de tomateiro: (A) Caixas de polipropileno que foram semeadas inicialmente; (B) Repicagem para bandejas de poliestireno expandido; (C) Mudas prontas para transplante. **Fonte:** Autora (2020).

O manejo fitossanitário foi realizado por meio de três aplicações, após repicagem das plântulas para as bandejas. A primeira aplicação consistiu em fungicida (Famoxadona + Mancozebe) na dose de bula comercial de 160 g 100 L⁻¹ de água e o inseticida, (Clorantraniliprole) na dose de bula de 15 mL 100 L⁻¹ de água. Posteriormente foi aplicado o fungicida (Bentiavalicarbe isopropílico + Fluazinam) na dose comercial de 50 mL 100 L⁻¹ de água e, inseticida (Tiametoxam + Lambda-cialotrina) na dose de bula de 75 mL 100 L⁻¹ de água. A última aplicação ocorreu por ocasião do transplante, mediante uso do inseticida (Tiametoxam + Clorantraniliprole) na dose de 800 mL ha⁻¹ dois dias antes do transplante. Aos 25 dias após o semeio, se realizou uma aplicação de fertilizante, via foliar a base de sais solúveis com 28,0% de N + 10,0% de P₂O₅ + 10,0% de K₂O + 1,0% de Mg + 1,0% de S + 0,03 % de B + 0,05% de Cu + 0,10% de Mn + 0,02% de Mo + 0,10% de Zn, na dose comercial de 1,0 kg ha⁻¹.

O transplante das mudas foi realizado no dia 24/06/2020 e o experimento foi conduzido em estufa agrícola localizada na Fazenda Escola da UEL (Figura 2). O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, constituído por 32 tratamentos (Tabela 1) e 14 repetições. As parcelas experimentais foram compostas por fileiras duplas, sendo os

materiais transplantados com espaçamento de 0,5 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras.

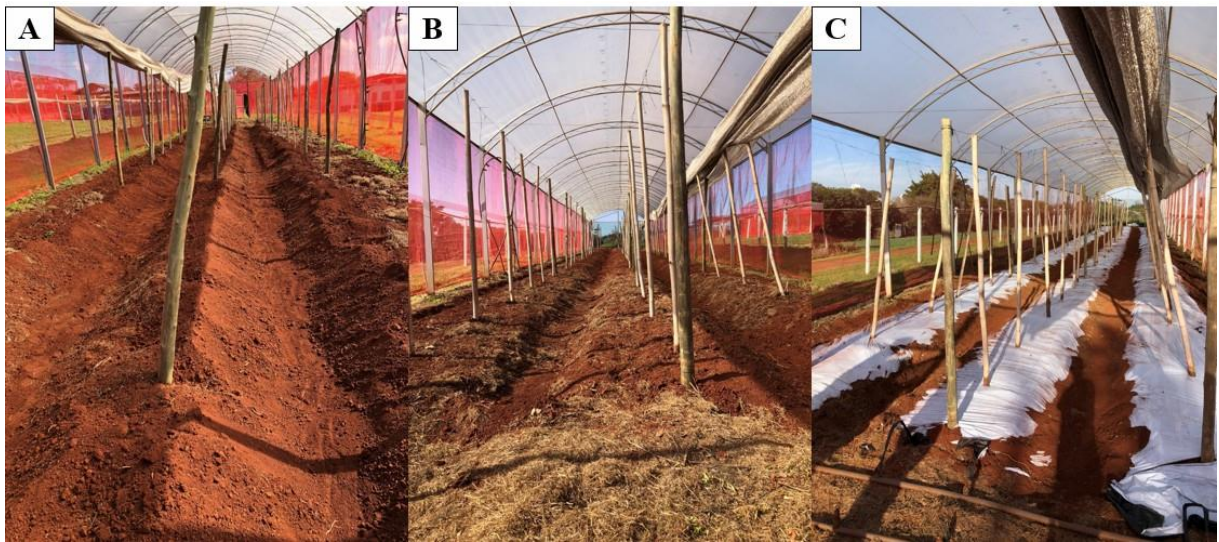


Figura 2 – Preparação dos canteiros em estufa na fazenda escola da UEL: (A) Preparo do solo com calagem e adubação de base; (B) Preparo dos canteiros (C) Canteiros cobertos com mulching. **Fonte:** Autora (2020).

Foi adotado o sistema de cultivo em solo, utilizando-se três canteiros cobertos com mulching, com 1,20 metros de largura e 50 metros de comprimento, totalizando 180 m² de área. O solo da área foi previamente lavrado com enxada rotativa, e os canteiros foram preparados manualmente, com auxílio de enxadas. A adubação de base foi realizada mediante resultado de análise de solo (Anexo A). Foi aplicado 800 kg ha⁻¹ de Superfosfato Simples, 700 kg ha⁻¹ de fertilizante fosfatado com 18% de P₂O₅ e 500 kg ha⁻¹ do formulado 04- 30-04, 30 dias antes do transplante das mudas. O manejo das plantas daninhas entre os canteiros foi realizado de forma manual com o uso de enxada.

Na estufa foram instalados tela com sombreamento de 35%, tela antiafídica, e os palanques com estirantes e arames, para o tutoramento vertical das plantas. Para irrigação foi utilizado tubos gotejadores com orifícios espaçados em 0,25 m. As plantas foram conduzidas com duas hastes principais, presas a fitilhos e tutoradas nos arames de sustentação.

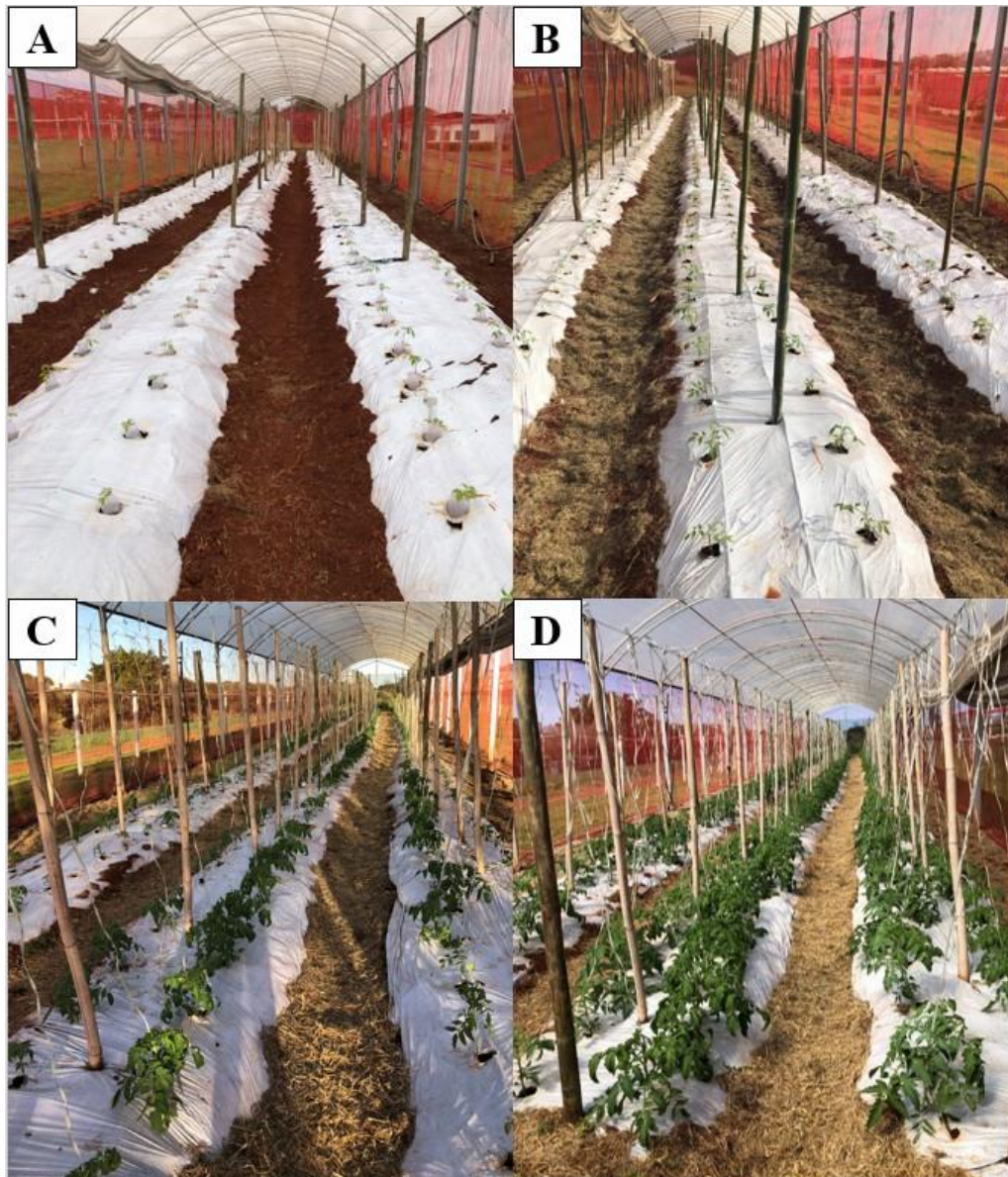


Figura 3 – Transplante de mudas e desenvolvimento de plantas: (A) Mudas recém transplantadas: (B) Mudas pegas após transplante: (C) Plantas com 35 dias após transplante: (D) Plantas tutoradas com fitilho em estágio de pré-florescência. **Fonte:** Autora (2020).

Para o manejo fitossanitário foi utilizado um pulverizador costal elétrico da marca Jacto®, modelo DJB-20, com capacidade 20 L de calda, com pressão do tanque de 60 psi (4.1 bar). A barra de pulverização tinha 1,5 m de comprimento, com quatro bicos do tipo cone, ponta fina, com vazão entre 150 e 300 L, variando conforme o ciclo da cultura. As pulverizações foram realizadas com produtos específicos conforme (Tabela 2), visando controle de pragas e fitopatógenos.

Tabela 2 – Manejo fitossanitário durante o experimento.

Data	Grupo químico	Dose recomendada (p. c.)
11/07	Clorfenapir + Mancozebe	50 mL 100 L ⁻¹ + 3,0 kg ha ⁻¹
21/07	Clorantraniliprole + (Metiram + Piraclostrobina)	20 g 100 L ⁻¹ + 400 g 100 L ⁻¹
29/07	(Tiametoxam + Lambda-cialotrina) + (Cimoxanil + Mancozebe)	75 mL 100 L ⁻¹ + 3,0 kg ha ⁻¹
07/10	Clorantraniliprole + (Famoxadona + Mancozebe) + Difenconazol	20 g 100 L ⁻¹ + 160 g 100 L ⁻¹ + 50 g 100 L ⁻¹
05/08	Tiametoxam + Mancozebe	20 g 100 L ⁻¹ + 3,0 kg ha ⁻¹
12/08	(Alfa-cipermetrina + Teflubenzurom) + (Bentiavalicarbe isopropílico + Fluazinam)	50 mL 100 L ⁻¹ + 70 mL 100 L ⁻¹
20/08	(Tiametoxam + Lambda-cialotrina) + Clorotalonil	75 mL 100 L ⁻¹ + 300 mL 100 L ⁻¹
25/08	Abamectina + Clorotalonil + Dimetomorfe	50 mL 100 L ⁻¹ + 250 g 100 L ⁻¹ + 150 g 100 L ⁻¹
02/09	(Dimetomorfe + Mancozebe) + (Metiram + Piraclostrobina) + Clorantraniliprole	400 g 100 L ⁻¹ + 400 g 100 L ⁻¹ + 20 g 100 L ⁻¹
04/09	<i>Bacillus thuringiensis</i> , var. kurstaki, linhagem HD-1	1000 g ha ⁻¹
09/09	(Bentiavalicarbe isopropílico + Clorotalonil) + (Bentiavalicarbe isopropílico + Fluazinam) + Clorfenapir	125 mL 100L ⁻¹ + 70 mL 100 L ⁻¹ + 50 mL 100 L ⁻¹
16/09	(Mandipropramida + Clorotalonil) + (Tiametoxam + Lambda-cialotrina) + (Cimoxanil + Mancozebe)	250 mL 100L ⁻¹ + 75 mL 100 L ⁻¹ + 3,0 kg ha ⁻¹
22/09	(Famoxadona + Mancozebe) + Fluazinam + (Alfa-cipermetrina + Teflubenzurom)	160 g 100 L ⁻¹ + 100 mL 100 L ⁻¹ + 50 mL 100 L ⁻¹
24/09	<i>Bacillus thuringiensis</i> , var. kurstaki, linhagem HD-1	1000 g ha ⁻¹
30/09	Lufenurom + (Metalaxil-M + Mancozebe)	80 mL 100 L ⁻¹ + 300 g 100 L ⁻¹
08/10	<i>Bacillus thuringiensis</i> , var. kurstaki, linhagem HD-1	1000 g ha ⁻¹
14/10	(Azoxistrobina + Difenconazol) + Lambda-cialotrina + (Bentiavalicarbe	40 mL 100 L ⁻¹ + 50 mL 100 L ⁻¹ + 70 mL 100 L ⁻¹ +

	isopropílico + Fluazinam) + Mancozebe	3,0 kg ha ⁻¹
19/10	Clorantraniliprole + Clorotalonil + Dimetomorfe	20 g 100 L ⁻¹ + 250 g 100 L ⁻¹ + 150 g 100 L ⁻¹
03/11	Abamectina + (Dimetomorfe + Mancozebe) + Clorotalonil	50 mL 100 L ⁻¹ + 400 g 100 L ⁻¹ + 300 mL 100 L ⁻¹
07/11	Tiametoxam + (Metiram + Piraclostrobina) + (Bentiavalicarbe isopropílico + Clorotalonil)	20 g 100 L ⁻¹ + 400 g 100 L ⁻¹ + 125 mL 100L ⁻¹
11/11	Lambda-cialotrina + Clorotalonil + Difenconazol	50 mL 100 L ⁻¹ + 250 g 100 L ⁻¹ + 50 g/100 L ⁻¹
13/11	Fluazinam + Dimetomorfe + (Tiametoxam + Lambda-cialotrina)	100 mL 100 L ⁻¹ + 150 g 100 L ⁻¹ + 75 mL 100 L ⁻¹
20/11	(Metalaxil-M + Mancozebe) + (Alfa-cipermetrina + Teflubenzurom)	300 g 100 L ⁻¹ + 50 mL 100 L ⁻¹
04/12	(Dimetomorfe + Mancozebe) + Clorfenapir	400 g 100 L ⁻¹ + 50 mL 100 L ⁻¹
09/12	Clorantraniliprole + (Famoxadona + Mancozebe)	20 g 100 L ⁻¹ + 160 g 100 L ⁻¹

Fonte: Autora (2020).

Com relação ao manejo da fertilidade, as adubações foram realizadas na base como descrito abaixo, via foliar e fertirrigação, conforme as necessidades e recomendações técnicas para a cultura (Tabela 3).

Tabela 3 – Manejo de fertilidade durante o experimento.

Data	Modo de aplicação	Fonte	Dose recomendada*
01/07	Via fertirrigação	Formulado: 20-20-20	300 g 100 ⁻¹
16/07	Via foliar	Fertilizante foliar: 20,0% de N + 5,0% de P ₂ O ₅ + 10,0% de K ₂ O + 1,0% de Mg + 5,0% de S + 1,0 % de B + 0,05% de Cu + 0,1% de Mn + 0,05% de Mo + 7,0% de Zn	3,0 kg ha ⁻¹
23/07	Via fertirrigação	Formulado: 20-20-20	300 g 100 ⁻¹ litros
31/07	Via foliar	Fertilizante foliar: 20,0% de N + 5,0% de P ₂ O ₅ + 10,0% de K ₂ O + 1,0% de Mg + 5,0% de S + 1,0 % de B + 0,05% de Cu + 0,1% de Mn + 0,05% de Mo + 7,0% de Zn. Fertilizante foliar a base de Potássio: 51,0% de K ₂ O + 17,3% de S.	3,0 kg ha ⁻¹ + 1,5 kg ha ⁻¹
05/08	Via foliar	Fertilizante foliar: 1,0% de N + 4,40% de S + 0,15% de Co + 0,15% de Mo + + 1,0% de Ni + 8,0% de Zn. E Bioestimulante com: 9,0% de N + 3,0% de K ₂ O + 7,0% de COT.	1,0 L ha ⁻¹ + 1,0 L ha ⁻¹
06/08	Via fertirrigação	Formulado: 20-20-20	300 g 100 ⁻¹
17/08	Via foliar	Fertilizante foliar: 20,0% de N + 5,0% de P ₂ O ₅ + 10,0% de K ₂ O + 1,0% de Mg + 5,0% de S + 1,0 % de B + 0,05% de Cu + 0,1% de Mn + 0,05% de Mo + 7,0% de Zn	3,0 kg ha ⁻¹
22/08	Via fertirrigação	Formulado: 30-10-10 + micros	2,0 kg ha ⁻¹

8			
03/09	Via foliar	Fertilizante foliar á base de Cálcio e Boro: 8,0% de Ca e 2,0% de B	2,0 L ha ⁻¹
10/09	Via foliar	Fertilizante foliar: 20,0% de N + 5,0% de P ₂ O ₅ + 10,0% de K ₂ O + 1,0% de Mg + 5,0% de S + 1,0 % de B + 0,05% de Cu + 0,1% de Mn + 0,05% de Mo + 7,0% de Zn	3,0 kg ha ⁻¹
22/09	Via fertirrigação	Formulado: 30-10-10 + micros	2,0 kg ha ⁻¹
25/09	Via foliar	Fertilizante foliar á base de Cálcio e Boro: 8,0% de Ca e 2,0% de B	2,0 L ha ⁻¹
07/10	Via fertirrigação	Granulado: 15,5% de N + 19,0% de Ca	1,5 L ha ⁻¹
15/10	Via foliar	Fertilizante foliar á base de Cálcio e Boro: 8,0% de Ca e 2,0% de B	2,0 L ha ⁻¹
16/10	Via fertirrigação	Formulado: 30-10-10 + micros	2,0 kg ha ⁻¹
29/10	Via foliar	Fertilizante foliar á base de Cálcio e Boro: 8,0% de Ca e 2,0% de B	2,0 L ha ⁻¹
02/11	Via fertirrigação	Granulado: 15,5% de N + 19,0% de Ca	1,5 L ha ⁻¹

Legenda: * Diluição em 100 L⁻¹ de água. **Fonte:** Autora, (2020).

Os tratos culturais foram feitos semanalmente ou quinzenalmente, conforme o desenvolvimento da cultura. Os amarrios iniciaram quando as plantas começaram a pender, juntamente com as desbrotas. Quando necessário foi feita uma poda nas folhas velhas, visando a diminuição do ataque de traça do tomateiro (*Tuta absoluta*) e mosca branca (*Bemisia tabaci*). Após as desbrotas, foram realizadas aplicações de calda bordalesa na dose de 300 g 100 L⁻¹ de água.



Figura 4 – Plantas em estágio produtivo (A) 45 dias após transplante (B) 60 dias após transplante (C) 80 dias após transplante (D) 100 dias após transplante. **Fonte:** Autora (2020).

4.7 VARIÁVEIS ANALISADAS

As características de qualidade pós-colheita dos frutos e de produção foram avaliadas conforme ocorriam as colheitas. Foram realizadas 22 colheitas ao longo do experimento. Os frutos destinados às análises de pós-colheita foram mantidos sob resfriamento no LABHOR (Laboratório de Horticultura), com temperatura variando de 14 a 16 °C, e umidade relativa de 75 a 85%. Durante as colheitas foram amostrados frutos de cada planta da parcela, de cada tratamento. Os frutos amostrados apresentavam padrão comercial. Com base nestas informações determinaram-se as seguintes características.

4.7.1 Características de qualidade de fruto

As avaliações relacionadas à qualidade dos frutos iniciaram-se, com a colheita de todos os frutos produzidos por planta/linhagem, em estágio *breaker* de maturação (caracterizado pela quebra do estado verde dos frutos, com aparecimento de manchas levemente avermelhadas na região da cicatriz estilar). As colheitas foram realizadas no período da manhã com temperatura amena, posteriormente, os frutos foram levados ao LABHOR para realização das avaliações. Foram descartados frutos com injúrias e/ou defeitos.

4.7.2 Coloração dos frutos

As leituras de coloração foram realizadas por meio do colorímetro da marca Konica Minolta INC®, modelo CR-400, com fabricação em Osaka, Japão. Calibrado no iluminante D65, no modo CIE L*, a*, e b*, onde:

L^* = “*lightness*” = coordenada de brilhância (eixo z) = varia de -100 (negro) a +100 (branco). Valores maiores indicam cores mais brilhantes.

a^* = coordenada de cromaticidade (eixo x), variando de -60 (verde) a +60 (vermelho).

b^* = coordenada de cromaticidade (eixo y), variando de -60 (azul) a +60 (amarelo).

A partir dos valores a^* e b^* foram obtidos:

“*Hue angle*” = ângulo de cromaticidade = definido como $\arctg(b/a)$;

“*Chroma*” = croma ou saturação = raiz quadrada de $(a^2 + b^2)$.

O ângulo de cromaticidade é definido a partir do eixo a, e é expresso em graus;

0° é definido como +a (vermelho), 90° como +b (amarelo), 180° como -a (verde), e 270° como -b (azul). Os frutos maduros de tomateiro tendem a variar de 0° (vermelho) a 90° (amarelo), valores mais próximos de zero (0°), mais vermelhos os frutos e, quanto mais próximos de 90° , mais amarelados (GLOSSARY KONICA MINOLTA, 2014).

Para croma, os valores variam entre 0 a 60. Valores iguais a zero correspondem ao centro de origem das coordenadas, valores próximos a zero indicam cores pouco saturadas, e valores próximo a 60 indicam máxima saturação (GLOSSARY KONICA MINOLTA, 2014).

As leituras foram realizadas na parte interna e externa do fruto. Para coloração externa a leitura foi feita na epiderme, e para interna no pericarpo, placenta e columela dos frutos de tomate. Optou-se por frutos de tamanho e maturação uniformes, colhidos no primeiro e segundo cachos, selecionando cinco frutos de cada planta/linhagem de todas as colheitas que foram realizadas para submeter a avaliação (Figura 5).

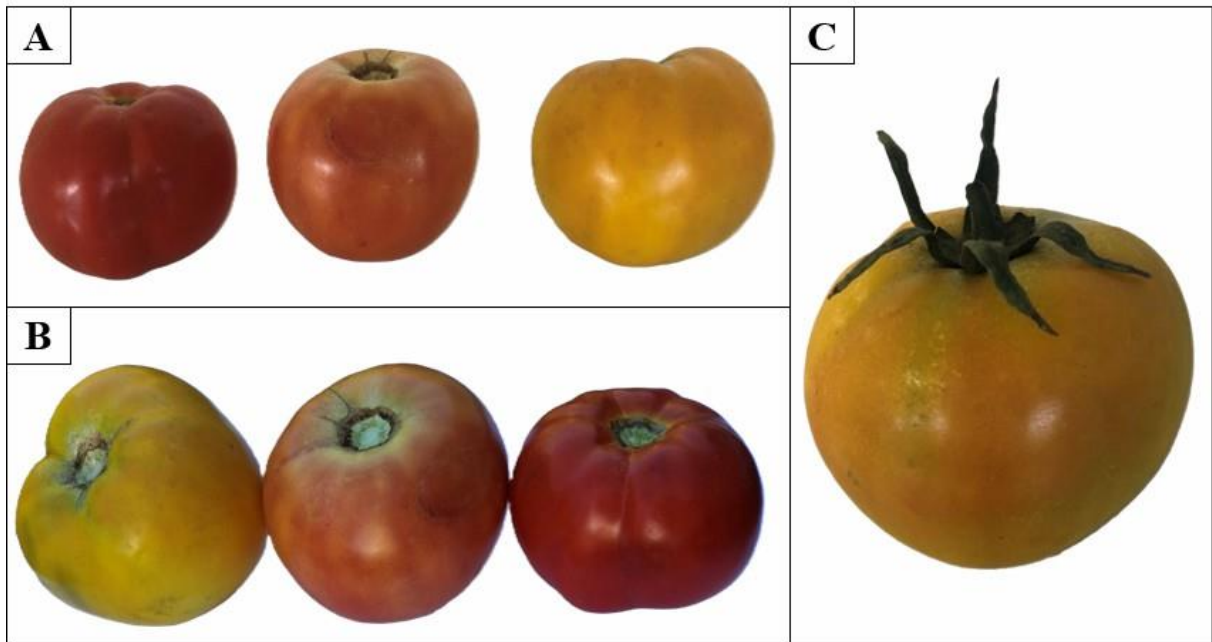


Figura 5 – Representação da coloração dos frutos maduros, da esquerda para a direita. (A) Fruto vermelho normal, fruto *nor^d*, e fruto *rin*; (B) Fruto *rin*, fruto *nor^d* e fruto vermelho normal; (C) Fruto *rin* com macrocálise. **Fonte:** Autora (2020).

4.7.3 Firmeza dos frutos

A firmeza foi determinada com o auxílio de um penetrômetro digital da marca Soil Control®, modelo PDF – 200, fabricado em EUA (Estados Unidos da América). A ponteira utilizada foi de 7,8 mm mediante pressão exercida sobre o fruto, a análise foi realizada logo após cada colheita. Em cada procedimento, foram realizadas duas leituras na região equatorial dos frutos, sendo os resultados expressos em Newton (N). Dessa forma, quanto maior a força necessária para a inserção do equipamento no fruto maior a firmeza do mesmo.

Para a medição foram amostrados dez frutos de cada planta/linhagem, com tamanho e maturação uniformes, colhidos no primeiro e segundo cachos.

4.7.4 Teor de sólidos solúveis (SS)

Esta característica foi avaliada por meio de leitura direta, com auxílio de um refratômetro digital de bancada do modelo RMT, da marca Optech®, fabricado nos Estados Unidos da América (EUA). Cinco frutos de cada planta/linhagem foram utilizados e cortados longitudinalmente, seguindo a homogeneização e filtragem da polpa do fruto fresco, sendo que os valores de SS foram expressos em graus Brix (°Brix).

Para a realização das análises manteve-se a temperatura do ambiente em torno de 20 °C. Foram selecionados cinco frutos de tamanho e maturação uniformes, colhidos no primeiro e segundo cachos do total das colheitas para avaliação.

4.7.5 Número de lóculos

Foram selecionados total de cinco frutos de cada planta/linhagem de tamanho e maturação uniformes, colhidos no primeiro e segundo cachos de todas as colheitas realizadas. Seccionou-se os frutos transversalmente e contou-se o número de lóculos (Figura 6).

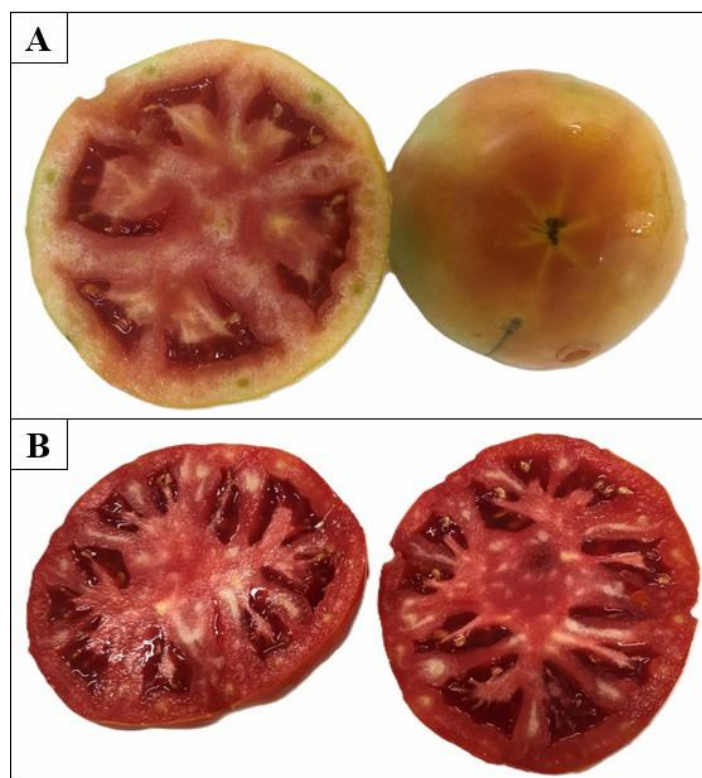


Figura 6 – Representação da verificação e contagem do número de lóculos por fruto princípios: (A) Fruto *nor^d* com seis lóculos; (B) Fruto normal com dez lóculos. **Fonte:** Autora (2020).

4.7.6 Componentes de produção

4.7.6.1 Produção total

A produção total foi calculada com base no somatório do peso total de todos os frutos colhidos durante as colheitas no período de produção de cada planta. Os resultados foram extrapolados para toneladas por hectare.

4.7.6.2 Média de produção por planta

A média de produção por planta foi determinada, pelo somatório dos pesos de todos os frutos colhidos de cada planta/linhagem, dividido pelo número de repetições avaliadas (14 repetições) (Figura 7). Os resultados foram expressos em quilos por planta (kg/planta).

4.7.6.3 Massa média dos frutos

A massa média dos frutos foi obtida pela relação entre o peso total dos frutos produzidos de cada tratamento, pelo respectivo número de frutos, durante o período total de colheita. Os resultados foram expressos em gramas por fruto (g/fruto).

4.7.6.4 Número de frutos

Foi feita a relação entre a produção total de frutos por tratamento e a massa média dos frutos por tratamento, multiplicado por 1000 (Número de frutos/tratamento).

4.7.6.5 Tamanho relativo do fruto

Com o auxílio de um paquímetro digital foram mensurados o maior comprimento no sentido longitudinal (comprimento), e a maior largura (diâmetro) sendo os resultados expressos em milímetros (mm). Em consequência, o tamanho relativo foi obtido pela divisão do comprimento longitudinal (C) pelo diâmetro transversal (D) dos frutos. Obteve-se a relação média C/D por tratamento, sendo amostrados cinco frutos por planta.



Figura 7 – Frutos em pleno desenvolvimento. (A) Frutos verdes de uma linhagem *rin*; (B) Frutos de linhagem normal em estágio *breaker*. **Fonte:** Autora (2020).

4.8 ANÁLISE DE DADOS

4.8.1 Características de produção e qualidade de fruto

Após atendidos os pressupostos de normalidade e homogeneidade dos dados, estes foram submetidos à análise de variância (ANOVA) e quando significativos, aplicado o teste de agrupamento de médias de Scott-Knott, adotando-se o nível de 5% de probabilidade ($p \leq 0,05$) por meio do software SASM Agri (CANTERI *et al.*, 2001).

Posteriormente, realizou-se a análise de índice da soma de postos, proposto por Mulamba; Mock (1978), pois apresenta a vantagem de não precisar de pesos econômicos nem da estimação de parâmetros além das médias. Esse índice é obtido após o ordenamento dos genótipos quanto ao caráter avaliado no sentido desejado, e posterior somatório das suas classificações.

Esse índice hierarquiza os genótipos, inicialmente, para cada característica, por meio da atribuição de valores absolutos mais elevados àqueles de melhor desempenho. Por fim, os valores atribuídos a cada característica são somados, obtendo-se a somados dos “ranks”, que assinala a classificação dos genótipos (CRUZ; REGAZZI, 2001).

O índice de soma de postos de Mulamba e Mock (1978), foi calculado pela expressão:

$$I_i = \sum_k ar_{ik},$$

em que: r_{ik} é o posto da progênie i para o caráter k .

Os pesos econômicos adotados foram o coeficiente de variação genético, o desvio-padrão genético, a herdabilidade e a razão da correlação genética entre o caráter selecionado e a produção de frutos, por meio da somatória de todas as correlações dos caracteres que compõem o índice e a produção de frutos, conforme Resende (2002). O software R® foi utilizado para realização das análises estatísticas.

4.9 RESULTADOS

4.9.1 Componentes de produção

Para os dados referentes aos componentes de produção foram consideradas as colheitas realizadas por um período de 120 dias. Para a característica produção total de frutos, foram observadas diferenças entre as linhagens avaliadas (Tabela 4). O maior rendimento produtivo foi obtido com as linhagens BPX-477C-25-05-04 (119,99 t ha⁻¹), BPX- 477C-34-08-16 (88,83 t ha⁻¹), BPX-477C-26-02-03 (86,71 t ha⁻¹) e BPX-477C-25-07-02 (86,55 t ha⁻¹).

Considerando o período de colheita em que foram obtidos os dados, os valores de produtividade das linhagens estão em consonância aos normalmente relatados na literatura para tomates do grupo salada.

A linhagem de maior rendimento produtivo BPX-477C-25-05-04, tem no seu background alelos mutantes de amadurecimento *rin* e *nor^d*, além do gene *og^c*, responsável pela síntese de licopeno. Esse mesmo background está presente nas linhagens BPX-477C-25- 27-15 que teve rendimento de (78,35 t ha⁻¹) e na linhagem BPX-477C-25-16-13 com produtividade de (78,87 t ha⁻¹). As linhagens normais que possuem apenas o gene *og^c* para síntese de licopeno, produziram 86,71 t ha⁻¹ (BPX-477C-26-02-03) e 79,87 t ha⁻¹ (BPX-477C- 26-02-04). Já as linhagens que possuem o gene *og^c* e o mutante de amadurecimento *nor^d* (BPX-477C-25-07-02, BPX-477C-25-07-15 e BPX-477C-34-08-16) obtiveram produção de 86,55 t ha⁻¹, 74,33 t ha⁻¹ e 88,83 t ha⁻¹, respectivamente.

A produtividade variou de 25,87 t ha⁻¹ obtida na linhagem *rin* BPX-477C- 25-01-02 a 119,99 t ha⁻¹ obtida na linhagem *alc/rin* BPX-477C-25-05-04, diferença de 94,12

toneladas. As três linhagens com constituições genéticas normais obtiveram produtividade média de 77,59 t ha⁻¹ (Tabela 4). A linhagem BPX-477C-25-16-13 (78,87 t ha⁻¹) possui além do gene *og^c*, o alelo mutante *rin*. O resultado de produtividade associado ao background supracitado da linhagem BPX-477C-25-05-04, a torna com alto potencial de uso como genitora na obtenção de híbridos extralonga vida.

No que diz respeito a massa média de frutos, houve diferença entre os tratamentos. As linhagens com maiores médias de peso de frutos foram BPX-477C-25-05-04 (417,01 g/fruto), BPX-477C-25-07-15 (433,23 g/fruto), BPX-477C-25-07-02 (437,73 g/fruto) e BPX-477C-25-09-02 (448,37 g/fruto). Em seguida, diferindo das supracitadas, obteve-se as linhagens BPX-477C-25-26-15 (407,66 g/fruto), BPX-477C-25-16-13 (393,64 g/fruto), BPX-477C-25-09-03 (391,71 g/fruto), BPX-477C-34-26-04 (386,13 g/fruto), BPX-477C-26-02-04 (382,12 g/fruto), BPX-477C-25-05-15 (378,18 g/fruto e BPX-477C-25-01-05 (375,42 g/fruto). Para essa variável ocorreu um comportamento similar aos dados de produção, que resultou em linhagens mais produtivas, maior número de frutos, ou seja, maior massa média de fruto por tratamento. A massa média encontrada está em consonância aos estabelecidos para tomates do tipo salada.

Quanto ao número de frutos colhidos por tratamento, obteve-se diferença de até três vezes mais entre a linhagem de menor rendimento, para a linhagem com maior rendimento, diferença de 218 frutos. A linhagem BPX-477C-25-26-15 que possui em sua constituição genética o gene de coloração *og^c* e o alelo mutante *rin*, produziu um total de 70 frutos, sendo o menor entre as linhagens avaliadas. E a linhagem BPX-477C-25-05-04 que possui *rin*, *nor^d* e *og^c* produziu um total de 288 frutos, com maior número (Tabela 4).

Na característica produção por planta, o maior rendimento (8,571 kg/planta) foi obtido com a linhagem BPX-477C-25-05-04, portadora dos alelos *rin*, *nor^d* e *og^c*, seguida das linhagens BPX-477C-34-08-16 (*nor^d* e *og^c*), que produziu em média 6,345 kg/planta, BPX-477C-26-02-03 com produção de 6,194 kg/planta (normal) e a BPX-477C-25-07-02 (*nor^d* e *og^c*), com produção de 6,182 kg/planta. Já as menores médias de produção por planta (1,848 kg/planta) foram obtidas na linhagem BPX-477C-25-01-02, que contém apenas o alelo mutante de amadurecimento *rin* e, na linhagem BPX-477C-34-26-05 com 1,947 kg/planta, que possui em sua constituição genotípica apenas o alelo mutante de amadurecimento *nor^d*.

4.9.2 Tamanho relativo do fruto

Relações de medidas utilizadas de $C/D < 1$ (C = comprimento e D =

diâmetro) correspondem a formatos achatados, típicos do grupo salada ou multilocular. Diante dos dados expostos na Tabela 4, todos os genótipos avaliados apresentaram valores médios da relação comprimento/diâmetro menores que 1,0 caracterizando frutos achatados, portanto, tomates do tipo salada. Frutos com valores superiores a 1,0 tendem ao formato oblongo e não foram encontrados em nossa pesquisa.

Os valores relativos de tamanho de frutos variaram entre 0,77 (menor) e 0,92 (maior), sendo as linhagens com constituição genotípica normal (sem a presença de alelos mutantes de amadurecimento) BPX-477C-26-02-03, BPX-477C-26-02-04, BPX-477C-26-02-14 as que apresentaram menores valores, ou seja, as que obtiveram os frutos mais achatados diante das linhagens avaliadas (Tabela 4). Valores médios próximos a 1,0 caracteriza-se por apresentar frutos de formato mais arredondados, sendo as linhagens BPX-477C-25-16-12 com 0,92, BPX-477C-25-26-04 com 0,91 e BPX-477C-25-16-13 com 0,90.

Dessa forma, as três linhagens com maiores valores médios para essa variável, possuem em seu background o alelo mutante de amadurecimento *rin* e o gene de coloração *og^c*.

Tabela 4 – Características de produção. Valores da produção total de frutos, média de produção por planta, número de frutos colhidos, massa média de frutos por tratamento, tamanho relativo do fruto (comprimento e diâmetro), e o formato (comprimento/diâmetro) considerando todos os frutos por tratamento.

Tratamentos	Produção (toneladas ha ⁻¹)	Massa média de frutos (g/fruto)	Número de frutos/ha/100 0	Produção por planta (kg/planta)	Tamanho relativo do fruto		
					Comprimento (mm)	Diâmetro (mm)	Formato (C/D)
BPX-477C-25-25-09	46,876 g	320,83 c	146	3,348	66,55 b	75,44 b	0,88
BPX-477C-25-27-15	78,350 c	323,61 c	242	5,596	67,72 b	76,90 b	0,88
BPX-477C-25-05-04	119,99 a	417,01 a	288	8,571	66,93 b	79,67 a	0,84
BPX-477C-25-05-15	79,068 c	378,18 b	209	5,648	64,33 c	77,05 b	0,83
BPX-477C-25-17-02	34,352 h	314,96 c	109	2,454	62,00 c	72,63 b	0,85
BPX-477C-25-17-14	36,564 h	289,26 c	126	2,612	59,95 d	72,64 b	0,83
BPX-477C-34-26-01	28,598 i	330,18 c	87	2,043	62,42 c	75,66 b	0,83
BPX-477C-34-26-04	40,118 h	386,13 b	104	2,866	63,81 c	75,01 b	0,85
BPX-477C-34-26-05	27,260 i	324,53 c	84	1,947	62,94 c	74,32 b	0,85
BPX-477C-40-14-02	47,248 g	383,34 b	123	3,375	63,60 c	79,55 a	0,80
BPX-477C-40-14-08	52,278 h	330,75 c	158	3,734	61,41 c	76,00 b	0,81
BPX-477C-40-14-10	33,084 h	297,87 c	111	2,363	60,17 d	76,83 b	0,78
BPX-477C-25-07-01	52,060 f	329,54 c	158	3,719	64,52 c	76,65 b	0,84
BPX-477C-25-07-02	86,554 b	437,73 a	198	6,182	70,13 a	80,28 a	0,87
BPX-477C-25-09-02	44,342 g	448,37 a	99	3,167	70,82 a	81,17 a	0,87
BPX-477C-25-09-03	55,190 f	391,71 b	141	3,942	71,51 a	81,25 a	0,88

BPX-477C-25-09-04	54,750 f	355,52 c	154	3,911	69,20 a	78,41 a	0,88
BPX-477C-25-07-15	74,334 d	433,23 a	172	5,310	69,46 a	80,52 a	0,86
BPX-477C-34-08-16	88,830 b	364,41 c	244	6,345	64,93 c	76,99 b	0,84
BPX-477C-25-01-02	25,866 i	328,82 c	79	1,848	63,46 c	76,37 b	0,83
BPX-477C-25-01-05	31,908 h	375,42 b	85	2,279	64,21 c	78,15 a	0,82
BPX-477C-25-01-08	42,446 g	354,56 c	120	3,032	67,97 b	78,27 a	0,87
BPX-477C-25-16-11	57,256 f	340,81 c	168	4,090	69,23 a	77,85 a	0,89
BPX-477C-25-16-12	65,676 e	349,39 c	188	4,691	71,95 a	78,49 a	0,92
BPX-477C-25-16-13	78,868 c	393,64 b	200	5,633	66,21 b	73,53 b	0,90
BPX-477C-25-26-04	50,170 g	350,13 c	143	3,584	69,16 a	76,18 b	0,91
BPX-477C-25-26-06	46,108 g	334,06 c	138	3,293	63,31 c	77,70 a	0,81
BPX-477C-25-26-07	44,292 g	353,66 c	125	3,164	58,20 e	74,42 b	0,78
BPX-477C-25-26-15	28,536 i	407,66 b	70	2,038	61,14 d	76,29 b	0,80
BPX-477C-26-02-03	86,714 b	324,87 c	267	6,194	56,29 e	73,62 b	0,76
BPX-477C-26-02-04	79,874 c	382,12 b	209	5,705	60,44 d	78,57 a	0,77
BPX-477C-26-02-14	66,196 e	365,63 c	181	4,728	57,70 e	74,55 b	0,77
CV (%)	16,75	19,50	-	-	6,69	7,41	-

Médias seguidas pelas mesmas letras na coluna não diferem entre si, pelo teste de Scott-Knott ($P \leq 0,05$). **Fonte:** Autora (2024).

4.9.3 Firmeza de fruto

Quanto à firmeza no dia da colheita (estádio *breaker*), as linhagens diferiram entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade (Tabela 5). As linhagens que proporcionaram maior resistência a punção foram BPX-477C-25-07-02 com 17,21 N, BPX-477C-25-09-02 (16,42 N), BPX-477C-25-26-06 (15,90 N) e BPX-477C-25-01-08 (15,01 N), respectivamente, caracterizando maior firmeza de frutos.

As linhagens BPX-477C-25-07-02 e BPX-477C-25-09-02 de maior firmeza de frutos tem na sua constituição genética, alelos mutantes *og^c* e *nor^A*, seguidamente a linhagem BPX-477C-25-26-06 que possui no background, os alelos *og^c* e *rin* e, por fim, BPX-477C-25-01-08, contendo apenas o alelo mutante *rin*.

As linhagens que produziram frutos de menor firmeza e que não diferiram entre si (Tabela 5), foram BPX-477C-26-02-14 (7,60 N), BPX-477C-26-02-03 (8,57 N), BPX-477C-25-26-07 (8,72 N) e BPX-477C-26-02-04 (8,98 N). Três delas sendo linhagens normais, com constituição genotípica sem alelos mutantes de amadurecimento, possuindo apenas o gene mutante de coloração *og^c* (BPX-477C-26-02-14, BPX-477C-26-02-03 e BPX-477C-26-02-04). Já a linhagem BPX-477C-25-26-07, além de possuir o gene de coloração *og^c*, também detém o alelo mutante de amadurecimento *rin*.

Conforme os resultados, as linhagens de constituição genética normal, sem a presença de alelos mutantes, produziram frutos mais moles e as linhagens contendo em seu background os alelos mutantes de amadurecimento *rin*, *nor^A*, obtiveram frutos com maior firmeza. Esses resultados confirmam a influência da constituição genotípica dos alelos *rin* e *nor^A* na firmeza dos frutos de tomateiro (Tabela 5). Entre as linhagens com frutos mais e menos firmes, a diferença foi de 9,61 N, o que evidencia o ganho com uso dos alelos de amadurecimento.

4.9.4 Sólidos solúveis (SS)

Os genótipos avaliados diferiram entre si para teores de sólidos solúveis (Tabela 5). Os valores médios variaram entre (2,99 °brix) na linhagem BPX-477C-25-17-02 e de (3,95 °brix) em BPX-477C-25-07-01, que se mostrou com maior teor de sólidos solúveis entre os tratamentos avaliados.

Conforme resultados da Tabela 5, as linhagens que produziram frutos com

maiores teores de sólidos solúveis (SS) e que não diferiram entre si, foram BPX-477C-25-07-01 (3,95 °brix), BPX-477C-25-26-06 (3,93 °brix), BPX-477C-25-16-13 (3,89 °brix), BPX-477C-26-02-04 (3,82 °brix) e por fim, BPX-477C-25-16-11 e BPX-477C-25-16-12, ambas com (3,78 °brix). Já as linhagens com média de frutos menos doces e que não diferiram estatisticamente entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade, foram: BPX-477C-25-17-02 (2,99 °brix), BPX-477C-34-26-04 (3,07 °brix), BPX-477C-40-14-08 (3,13 °brix), BPX-477C-25-25-09 (3,15 °brix), BPX-477C-40-14-10 (3,20 °brix), BPX-477C-25-01-02 (3,24 °brix), e BPX-477C-34-26-05 (3,25 °brix).

Quanto ao background das linhagens com maiores valores médios de SS, observamos a presença predominante do gene de coloração *og^c*, Sendo elas, BPX-477C-25-07-01 que possui em sua constituição genotípica o alelo mutante de amadurecimento *nor^d* e o gene mutante de coloração *og^c*, BPX-477C-26-02-04 com a presença do gene *og^c*, sem a presença de alelos mutantes de amadurecimento, e as linhagens BPX-477C-25-26-06, BPX-477C-25-16-13, BPX-477C-25-16-11 e BPX-477C-25-16-12 que contém o mutante *rin* e o gene *og^c*.

De acordo com os resultados obtidos, as linhagens com frutos de baixos teores de SS não possuem o mutante de coloração *og^c* no seu background, porém possuem alelos mutante de amadurecimento, sendo *nor^d* nas linhagens BPX-477C-25-17-02, BPX-477C-34-26-04, BPX-477C-34-26-05, BPX-477C-40-14-08 e BPX-477C-40-14-10; e do mutante *rin* em BPX-477C-25-01-02.

4.9.5 Número de lóculos nos frutos

Nas linhagens avaliadas os lóculos por fruto variaram de 3,79 a 6,11 (Tabela 5). Os genótipos com maior número de lóculos foram: BPX-477C-25-01-08 com média de 6,11 lóculos por fruto, BPX-477C-40-14-10 com 5,96 lóculos por fruto, BPX-477C-25-05-15 com 5,70 lóculos por fruto, BPX-477C-25-05-04 com 5,54 lóculos por fruto e BPX-477C-40-14-02 com 5,46 lóculos por fruto. Estas linhagens não diferiram entre si. Já as linhagens com menor número médio de lóculos por frutos foram: BPX-477C-25-26-07 com (3,79 lóculos) por fruto e BPX-477C-25-16-12 (3,99 lóculos).

As linhagens com menor número de lóculos por fruto, são constituídas em maioria pela combinação dos alelos de amadurecimento *rin* e o gene de coloração *og^c*, sendo elas: BPX-477C-25-26-07 e BPX-477C-25-16-12. As linhagens com maior número de lóculos têm em seu background os mutantes (*og^c*, *nor^d*, *rin*), sendo elas BPX-477C-25-05-15 e

BPX-477C-25-05-04, além das linhagens BPX-477C-40-14-10 e BPX-477C-40-14-02 contendo o mutante (*nor^d*) e a BPX-477C-25-01-08 o mutante (*rin*). Esses resultados demonstram que todas as linhagens avaliadas possuem frutos multiloculares e correspondem, efetivamente, a tomates do tipo salada.

Tabela 5 – Características de qualidade de frutos. Firmeza, teor de sólidos solúveis e número de lóculos por fruto, considerando todos os frutos por tratamento.

Tratamento	Firmeza (N)	Sólidos solúveis (°Brix)	Número de lóculos
BPX-477C-25-25-09	13,41 b	3,15 d	4,60 c
BPX-477C-25-27-15	13,98 b	3,35 c	5,06 b
BPX-477C-25-05-04	13,12 b	3,32 c	5,54 a
BPX-477C-25-05-15	13,46 b	3,29 c	5,70 a
BPX-477C-25-17-02	9,80 c	2,99 d	4,97 b
BPX-477C-25-17-14	11,31 c	3,37 c	5,24 b
BPX-477C-34-26-01	14,58 b	3,30 c	4,78 c
BPX-477C-34-26-04	12,67 b	3,07 d	4,47 c
BPX-477C-34-26-05	13,41 b	3,25 d	4,84 c
BPX-477C-40-14-02	11,26 c	3,38 c	5,46 a
BPX-477C-40-14-08	13,55 b	3,13 d	5,30 b
BPX-477C-40-14-10	10,07 c	3,20 d	5,96 a
BPX-477C-25-07-01	13,19 b	3,95 a	5,03 b
BPX-477C-25-07-02	17,21 a	3,43 c	5,06 b
BPX-477C-25-09-02	16,42 a	3,49 c	4,77 c
BPX-477C-25-09-03	13,86 b	3,41 c	5,01 b
BPX-477C-25-09-04	14,70 b	3,31 c	4,81 c
BPX-477C-25-07-15	12,87 b	3,45 c	4,96 b
BPX-477C-34-08-16	11,21 c	3,71 b	5,23 b
BPX-477C-25-01-02	13,78 b	3,24 d	5,30 b
BPX-477C-25-01-05	12,00 b	3,28 c	4,80 c
BPX-477C-25-01-08	15,01 a	3,62 b	6,11 a
BPX-477C-25-16-11	14,21 b	3,78 a	5,14 b
BPX-477C-25-16-12	13,89 b	3,78 a	3,99 d
BPX-477C-25-16-13	13,51 b	3,81 a	4,77 c

BPX-477C-25-26-04	14,44 b	3,89 a	4,34 c
BPX-477C-25-26-06	15,90 a	3,93 a	4,97 b
BPX-477C-25-26-07	8,72 d	3,56 b	3,79 d
BPX-477C-25-26-15	10,12 c	3,50 c	4,49 c
BPX-477C-26-02-03	8,57 d	3,50 c	5,16 b
BPX-477C-26-02-04	8,98 d	3,82 a	5,11 b
BPX-477C-26-02-14	7,60 d	3,28 c	5,04 b
CV (%)	21,53	10,13	15,07

Médias seguidas pelas mesmas letras na coluna não apresentaram diferença significativa, de acordo com o teste de Scott-Knott ($P \leq 0,05$). **Fonte:** Autora (2024).

4.9.6 Coloração interna e externa de frutos

Para a variável luminosidade (*lightness*), valores de L^* na parte interna do fruto (pericarpo, placenta e columela), as linhagens que apresentaram maiores valores e não diferiram entre si, obtiveram índices entre 57,14 L^* e 63,08 L^* . Com esses resultados as linhagens e suas constituições genótípicas foram: BPX-477C-25-25-09 (*og^c, nor^d, rin*), BPX-477C-25-05-15 (*og^c, nor^d, rin*), BPX-477C-40-14-08 (*nor^d*), BPX-477C-40-14-10 (*nor^d*), BPX-477C-25-07-02 (*og^c, nor^d*), BPX-477C-25-01-02 (*rin*), BPX-477C-25-01-05 (*rin*), BPX-477C-25-01-08 (*rin*), BPX-477C-25-16-11 (*og^c, rin*), BPX-477C-25-16-12 (*og^c, rin*), BPX-477C-25-16-13 (*og^c, rin*), BPX-477C-25-26-06 (*og^c, rin*), BPX-477C-25-26-07 (*og^c, rin*).

Na face externa do fruto, os maiores valores de L^* foram determinados nas linhagens BPX-477C-25-25-09 (*og^c, nor^d, rin*), BPX-477C-25-01-02 (*rin*), BPX-477C-25-01-08 (*rin*), BPX-477C-25-16-11 (*og^c, rin*), BPX-477C-25-16-12 (*og^c, rin*), BPX-477C-25-26-04 (*og^c, rin*) (Tabela 6).

Considerando a parte interna dos frutos, os menores valores encontrados foram de 37,84 L^* na linhagem BPX-477C-26-02-04 e 39,22 L^* na BPX-477C-26-02-14, ambas contendo em seu *background* apenas o mutante de coloração *og^c*, sendo uma linhagem normal, portanto, com frutos em estágio *breaker* com coloração avermelhada. Do mesmo modo, para a parte externa do fruto, os menores valores médios medidos foram nas três linhagens normais com a presença do gene mutante de coloração *og^c*, BPX-477C-26-02-04 (36,46 L^*), BPX-477C-26-02-14 (38,83 L^*) e BPX-477C-26-02-03 (40,10 L^*) não diferindo entre si (Tabela 6).

Tabela 6 – Valores médios da *Lightness* (*L), Ângulo de cromaticidade (°Graus) e Cromo/Saturação da parte interna (Pericarpo, placenta e columela) e externa (Epiderme) dos frutos de tomate das linhagens avaliadas.

Tratamento	<i>L*</i>		<i>Hue angle</i> (°)		<i>Chroma</i>	
	<i>Interna</i>	<i>Externa</i>	<i>Interna</i>	<i>Externa</i>	<i>Interna</i>	<i>Externa</i>
BPX-477C-25-25-09	59,37 a	61,41 a	66,33 b	65,98 c	50,76 a	53,21 a
BPX-477C-25-27-15	52,87 b	55,13 c	54,02 c	63,32 d	40,89 b	42,48 b
BPX-477C-25-05-04	49,71 c	50,89 d	53,23 c	60,84 d	36,70 c	43,48 b
BPX-477C-25-05-15	59,82 a	53,57 c	65,81b	72,52 b	47,99 a	46,87 b
BPX-477C-25-17-02	48,61 c	47,18 e	65,45 b	65,50 c	30,21 c	31,18 e
BPX-477C-25-17-14	41,41 d	45,56 e	54,98 c	65,09 c	24,74 d	31,81 e
BPX-477C-34-26-01	54,70 b	55,72 c	72,76 a	69,44 c	40,56 b	41,22 b
BPX-477C-34-26-04	44,75 d	51,70 d	67,21 b	68,66 c	28,67 d	39,95 c
BPX-477C-34-26-05	52,19 b	52,36 d	67,03 b	66,71 c	38,99 b	41,86 b
BPX-477C-40-14-02	52,07 b	50,38 d	65,84 b	66,87 c	37,30 c	43,51 b
BPX-477C-40-14-08	57,14 a	55,47 c	71,74 a	68,63 c	45,52 b	48,07 a
BPX-477C-40-14-10	58,69 a	58,36 b	74,98 a	75,00 b	47,41 a	48,67 a
BPX-477C-25-07-01	49,61 c	49,87 d	65,34 b	70,13 c	34,14 c	38,08 c
BPX-477C-25-07-02	58,68 a	58,00 b	66,81 b	74,07 b	50,86 a	50,08 a
BPX-477C-25-09-02	44,20 d	49,50 d	58,16 c	66,23 c	25,34 d	34,17 d
BPX-477C-25-09-03	45,18 d	48,77 d	59,68 c	66,86 c	26,88 d	34,47 d
BPX-477C-25-09-04	43,19 d	50,36 d	59,46 c	68,47 c	27,66 d	34,47 d
BPX-477C-25-07-15	48,69 c	53,74 c	66,76 b	71,79 b	28,36 d	42,27 b
BPX-477C-34-08-16	49,12 c	46,35 e	60,66 c	60,64 d	32,53 c	30,22 e
BPX-477C-25-01-02	59,16 a	61,93 a	76,41 a	77,50 a	51,56 a	52,95 a
BPX-477C-25-01-05	59,30 a	59,77 b	75,71 a	76,65 a	47,38 a	52,10 a
BPX-477C-25-01-08	57,49 a	60,20 a	78,95 a	78,99 a	54,68 a	53,03 a
BPX-477C-25-16-11	59,50 a	63,05 a	77,51 a	68,08 c	51,44 a	53,53 a
BPX-477C-25-16-12	63,08 a	61,50 a	77,32 a	73,39 b	55,34 a	53,87 a
BPX-477C-25-16-13	57,84 a	58,23 b	75,42 a	72,47 b	45,33 b	49,64 a
BPX-477C-25-26-04	56,22 b	61,96 a	75,27 a	73,66 b	51,48 a	51,97 a
BPX-477C-25-26-06	58,19 a	58,42 b	75,82 a	73,41 b	47,63 a	50,46 a
BPX-477C-25-26-07	60,87 a	57,91 b	78,28 a	73,52 b	49,93 a	51,10 a
BPX-477C-25-26-15	54,74 b	54,96 c	73,39 a	73,66 b	43,08 b	51,38 a
BPX-477C-26-02-03	41,92 d	40,10 f	54,59 c	51,94 e	21,56 e	28,19 e

BPX-477C-26-02-04	37,84 e	36,46 f	41,47 d	46,13 f	20,29 e	26,14 e
BPX-477C-26-02-14	39,22 e	38,83 f	46,39 d	49,79 e	20,73 e	27,98 e
CV (%)	15,52	13,11	13,24	8,85	23,61	14,83

Médias seguidas pelas mesmas letras na coluna não apresentaram diferença significativa, de acordo com o teste de Scott-Knott ($P \leq 0,05$). **Fonte:** Autora (2024).

Com relação ao ângulo de cromaticidade, também chamado de *hue angle* ($^{\circ}$), os resultados evidenciam (Tabela 6) que 13 das 32 linhagens avaliadas, obtiveram valores médios de ângulo de cromaticidade, variando entre $71,74^{\circ}$ e $78,95^{\circ}$ na parte interna dos frutos. Nesta variável, os frutos de tomate tendem a variar de 0° a 90° , sendo valores mais próximos de 0° frutos mais avermelhados e mais próximos de 90° frutos mais amarelados.

As linhagens com maior ângulo *hue*, que não diferiram entre si e suas informações genóticas, foram: BPX-477C-34-26-01, BPX-477C-40-14-08 e BPX-477C-40-14-10 (*nor^A*); BPX-477C-25-01-02, BPX-477C-25-01-05 e BPX-477C-25-01-08 (*rin*); e por fim, BPX-477C-25-16-11, BPX-477C-25-16-12, BPX-477C-25-16-13, BPX-477C-25-26-04, BPX-477C-25-26-06, BPX-477C-25-26-07, BPX-477C-25-26-15 (*og^c*, *rin*). Dessa forma, conforme os resultados presumimos que essas linhagens apresentaram frutos de coloração interna menos avermelhado. Importante salientar o efeito pleiotrópico do alelo *rin* sobre o alelo *og^c*, suprimindo a síntese de licopeno.

Os menores valores de ângulo de cromaticidade da parte interna dos frutos foram estimados nas linhagens BPX-477C-26-02-04 com $41,47^{\circ}$ e BPX-477C-26-02-14 com *hue angle* de $46,39^{\circ}$ (Tabela 6). Ambas as linhagens são normais e possuem em sua constituição genotípica o gene de coloração *og^c*, sem a presença de quaisquer alelos mutantes de amadurecimento, portanto, presumimos que esses frutos possuem coloração interna mais avermelhada e conseqüentemente maior teor de licopeno.

De acordo com os resultados (Tabela 6) relativos ao ângulo de cromaticidade da parte externa dos frutos (epiderme), os maiores valores médios foram obtidos nos frutos das linhagens: BPX-477C-25-01-08 ($78,99^{\circ}$), BPX-477C-25-01-02 ($77,50^{\circ}$), BPX-477C-25-01-05 ($76,65^{\circ}$), todas possuindo o alelo mutante *rin*. Desse modo, essas linhagens apresentaram valores de ângulo de cromaticidade mais próximos de 90° do que de 0° isto é, frutos mais amarelados.

O menor *hue angle* para a parte externa dos frutos variaram entre $46,13^{\circ}$ a $51,94^{\circ}$ nas linhagens BPX-477C-26-02-03, BPX-477C-26-02-04 e BPX-477C-26-02-14. As três linhagens têm constituição genética normal, e possuem o gene mutante de coloração *og^c*.

Com esses valores médios, confirmamos que frutos de linhagens normais sem a presença de alelos mutantes de amadurecimento, possuem coloração mais avermelhada na epiderme dos frutos.

Cabe salientar que as três linhagens com frutos com maior valor de ângulo *hue* possuem apenas o alelo *rin* em seu background, produzindo frutos com tonalidades mais amareladas externamente e com vermelho bem desbotado internamente. Outras três linhagens produziram frutos de coloração interna e externa com tonalidades de vermelho intenso, tendo em sua constituição genotípica, o gene *ogc*, responsável pela síntese de licopeno. Esses resultados eram esperados, não trazendo novidades, sendo relatados em diversas literaturas. No entanto, as linhagens BPX-477C-25-27-15 e BPX-477C-25-05-04 de constituição genotípica (*nor⁴*, *rin* e *ogc*), produziram frutos de coloração vermelha um pouco menos intensa que as linhagens normais, com valores internos de *hue* (54,02° e 53,23°) respectivamente e externos (63,32° e 60,84°), respectivamente. Esses resultados são interessantes por evidenciar o efeito pleiotrópico ou mesmo de penetrância na expressão fenotípica do carácter em questão.

Linhagens com o alelo mutante *nor⁴* mais *ogc* também demonstraram expressão genotípica com coloração interna e externa mais avermelhadas que o normal para frutos que possuem apenas o mutante *nor⁴*.

No que se refere a variável *chroma* da parte interna dos frutos que contempla pericarpo, placenta e columela, maiores valores médios que não diferiram entre si, variaram entre (47,38) a (55,34) (Tabela 6) e foram obtidos nos frutos das seguintes linhagens: BPX-477C-25-25-09 (*og^c*, *nor⁴*, *rin*); BPX-477C-25-05-15 e BPX-477C-25-07-02 (*og^c*, *nor⁴*); BPX-477C-40-14-10 (*nor⁴*); BPX-477C-25-01-02, BPX-477C-25-01-05 e BPX-477C-25-01-08 (*rin*) e finalmente BPX-477C-25-16-11, BPX-477C-25-16-12, BPX-477C-25-26-04, BPX-477C-25-26-06 e BPX-477C-25-26-07 (*og^c*, *rin*). Esses resultados demonstram que linhagens contendo em seu background os alelos mutantes de coloração *nor⁴* e *rin* em combinação, ou não com o gene mutante de coloração, apresentaram valores de *chroma* mais próximos de (60,0) que indicam saturação máxima na coloração interna dos frutos.

Os menores valores médios de *chroma* na parte interna dos frutos foram nas linhagens BPX-477C-26-02-03 com (21,56), BPX-477C-26-02-04 com (20,29) e BPX-477C-26-02-14 com *chroma* de (20,73) não diferindo entre si pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade. Tais linhagem possuem a mesma constituição genética normal, contendo o gene mutante de coloração *og^c*. Dessa forma, podemos concluir que genótipos normais,

obtiveram valores mais próximos a zero do que a 60,0 o que indicam cores pouco saturadas na face interna dos frutos.

Quando observamos os resultados de croma da parte externa dos frutos, verificamos comportamento muito próximos aos da parte interna. Os menores valores médios encontrados na face exterior do fruto foram determinados nos frutos das linhagens normais, que possuem o gene mutante de coloração *og^c* BPX-477C-26-02-03 (28,19), BPX-477C-26-02-04 (26,14) e BPX-477C-26-02-14 (27,98). Valores esses mais próximos de zero, portanto, frutos com cores externas menos saturadas.

Os maiores valores médios de croma da parte externa dos frutos que não diferiram entre si, foram: BPX-477C-40-14-08 (50,76), BPX-477C-40-14-10 (47,99), BPX-477C-25-07-02 (47,41), BPX-477C-25-01-02 (50,86), BPX-477C-25-01-05 (51,56), BPX-477C-25-01-08 (47,38), BPX-477C-25-16-11 (54,68), BPX-477C-25-16-12 (51,44), BPX-477C-25-16-13 (55,34), BPX-477C-25-26-04 (51,48), BPX-477C-25-26-06 (47,63) e BPX-477C-25-26-07 (49,93). Desse modo, esses valores se aproximaram de 60,0 o que indica proximidade á saturação máxima na face externa dos frutos. Quanto a constituição genotípica dessas 12 linhagens, seis delas possuem o gene mutante de coloração *og^c* associado ao alelo mutante de amadurecimento *rin*. Três das linhagens apresentavam apenas o mutante *rin*, duas delas apenas o mutante *nor^d*, e uma delas o mutante *nor^d* em combinação com o mutante de coloração *og^c*.

4.9.7 Análise multivariada

As análises multivariadas têm sido apresentadas como procedimentos eficientes no melhoramento de plantas em razão de combinarem múltiplas informações provenientes de uma unidade experimental de modo que seja possível selecionar ou predizer fenômenos genéticos baseando-se simultaneamente em um complexo de variáveis de importância genética e/ou agrônômica.

Das 448 plantas avaliadas, foram selecionadas as 50 mais produtivas e com melhor qualidade pós-colheita, baseada no ranking de Mulamba; Mock, (1978) (Tabela 7 e Figura 8). Por meio do índice hierárquico dos genótipos, selecionou-se as melhores plantas dentro de cada grupo de genótipo: normal/*crimson*; *crimson*; *alcobaça*, *rin*; *crimson/alcobaça*; *crimson/rin*; *alcobaça/rin* e *crimson/alcobaça/rin* (Tabela 7). As análises multivariadas auxiliam na identificação de genótipos mais equilibrados para os caracteres de interesse. Nem sempre o genótipo mais produtivo ou de maior firmeza ou coloração mais intensa é

seleccionado.

Tabela 7 – Genótipos em ordem de classificação e médias ajustadas para seleção das 50 primeiras posições com base no Mulamba; Mock, (1978). Índice de seleção com pesos econômicos estabelecidos para as características de produção e pós colheita de frutos das linhagens contendo alelos mutantes de amadurecimento.

	Genótipo	Produção	Firmeza	SS	Cor interna			Cor externa			Nº de lóculos	Altura	Diâmetro	Soma
					<i>L*</i>	<i>a*</i>	<i>b*</i>	<i>L*</i>	<i>a*</i>	<i>b*</i>				
1	BPX-477C-25-01-08-01	2248	455	394	338	123	289	203	814	368	446	439	454	6571
2	BPX-477C-25-16-11-14	2273	386	312	268	106	212	318	595	350	253	396	319	5788
3	BPX-477C-40-14-08-08	2268	456	207	239	62	377	413	934	332	292	102	103	5785
4	BPX-477C-25-09-03-06	2263	235	193	194	107	203	432	826	280	73	348	337	5491
5	BPX-477C-25-27-15-09	2278	148	255	161	89	168	298	502	265	387	197	126	4874
6	BPX-477C-25-05-04-06	2288	302	190	111	291	145	99	364	95	215	341	313	4754
7	BPX-477C-26-02-04-10	2218	87	274	36	362	11	6	129 4	25	32	42	235	4622
8	BPX-477C-26-02-14-05	2253	18	165	12	391	28	31	126 7	75	104	122	19	4485
9	BPX-477C-25-05-04-02	2283	318	80	147	214	110	196	262	174	322	244	80	4430
10	BPX-477C-26-02-14-06	1668	79	173	103	399	94	13	130 6	40	330	34	187	4426
11	BPX-477C-34-08-16-07	1958	262	248	240	390	244	130	475	78	179	133	76	4413
12	BPX-477C-25-16-12-03	618	320	423	423	456	404	440	157	336	22	445	348	4392
13	BPX-477C-34-08-16-06	2008	245	330	391	224	293	118	76	3	296	230	166	4380
14	BPX-477C-25-09-03-04	1903	178	133	16	414	5	40	670	42	135	424	419	4379

15	BPX-477C-25-09-04-13	1328	172	240	43	316	45	246	107 2	172	304	252	189	4379
16	BPX-477C-25-27-15-05	1023	438	252	311	256	430	389	73	298	123	426	359	4378
17	BPX-477C-25-07-15-14	1318	180	62	237	115	170	281	991	203	59	406	354	4376
18	BPX-477C-25-01-08-03	958	82	31	113	6	456	362	129 7	302	444	179	143	4373
19	BPX-477C-26-02-04-06	1983	76	358	1	413	0	8	130 3	34	79	61	42	4358
20	BPX-477C-25-16-13-13	843	356	381	354	370	325	415	379	338	157	256	179	4353
21	BPX-477C-25-16-13-10	273	375	389	424	158	355	337	126 1	268	166	213	113	4332
22	BPX-477C-25-01-02-14	1513	68	316	355	343	347	245	289	407	265	109	73	4330
23	BPX-477C-25-01-02-02	473	423	100	302	404	265	418	541	322	346	297	436	4327
24	BPX-477C-25-25-09-07	793	303	33	393	186	378	433	901	333	126	258	170	4307
25	BPX-477C-34-08-16-10	1243	213	324	78	290	59	50	115 9	114	400	260	115	4305
26	BPX-477C-25-16-11-09	983	328	431	309	34	433	276	331	375	404	278	118	4300
27	BPX-477C-25-17-14-01	1993	61	113	134	233	102	81	811	99	259	236	175	4297
28	BPX-477C-34-08-16-03	1618	196	351	343	280	211	107	481	59	261	218	165	4290
29	BPX-477C-26-02-14-01	1743	48	339	6	407	8	53	110 2	62	225	67	222	4282
30	BPX-477C-25-16-11-15	1033	429	333	165	29	269	316	697	319	61	387	243	4281

31	BPX-477C-25-05-15-03	1433	311	127	378	411	257	152	238	155	368	288	160	4278
32	BPX-477C-25-26-15-14	1968	7	210	174	221	191	122	832	247	178	51	74	4275
33	BPX-477C-25-16-11-02	993	96	291	242	385	287	451	148	370	153	450	407	4273
34	BPX-477C-25-07-15-11	1878	305	398	152	16	229	198	187	220	12	383	292	4270
35	BPX-477C-25-01-05-09	343	238	68	390	392	270	449	862	342	245	316	352	4267
36	BPX-477C-25-17-02-03	1383	177	73	286	88	209	150	844	175	229	317	328	4259
37	BPX-477C-40-14-08-05	1068	342	45	414	82	364	329	637	328	308	98	242	4257
38	BPX-477C-25-09-04-01	1568	341	126	126	319	60	214	739	158	55	264	283	4253
39	BPX-477C-25-07-15-16	1273	107	176	63	312	111	70	973	45	372	302	447	4251
40	BPX-477C-25-26-07-03	1778	11	249	334	219	300	367	421	293	34	89	154	4249
41	BPX-477C-34-08-16-12	1848	112	322	257	452	246	60	376	0	106	294	174	4247
42	BPX-477C-25-07-15-18	1558	223	8	217	176	207	279	223	215	395	306	432	4239
43	BPX-477C-25-07-02-19	823	384	196	356	53	248	204	652	299	341	378	294	4228
44	BPX-477C-25-26-06-04	998	326	429	298	13	354	261	748	371	197	188	43	4226
45	BPX-477C-25-05-04-20	313	225	300	382	10	374	236	907	284	349	399	441	4220
46	BPX-477C-26-02-03-05	1783	84	435	135	440	153	92	220	49	363	91	369	4214
47	BPX-477C-25-07-15-10	1278	139	297	201	309	228	186	151	198	399	408	416	4210
48	BPX-477C-25-16-11-10	463	349	372	374	201	423	378	427	349	381	314	178	4209
49	BPX-477C-25-16-13-15	1418	224	371	402	19	351	354	277	285	191	243	71	4206
50	BPX-477C-25-16-13-02	1208	153	326	341	139	383	409	58	378	374	290	146	4205

Médias ajustadas pelo teste de Scott-Knott ($p < 0,05$). Produção (kg), Firmeza (N), SS: Sólidos solúveis ($^{\circ}$ Brix), Coloração interna e externa dos frutos (L^* , a^* , b^*), N $^{\circ}$ de lóculos: Número de lóculos, Formato de fruto: altura e diâmetro (mm). **Fonte:** Autora (2024).

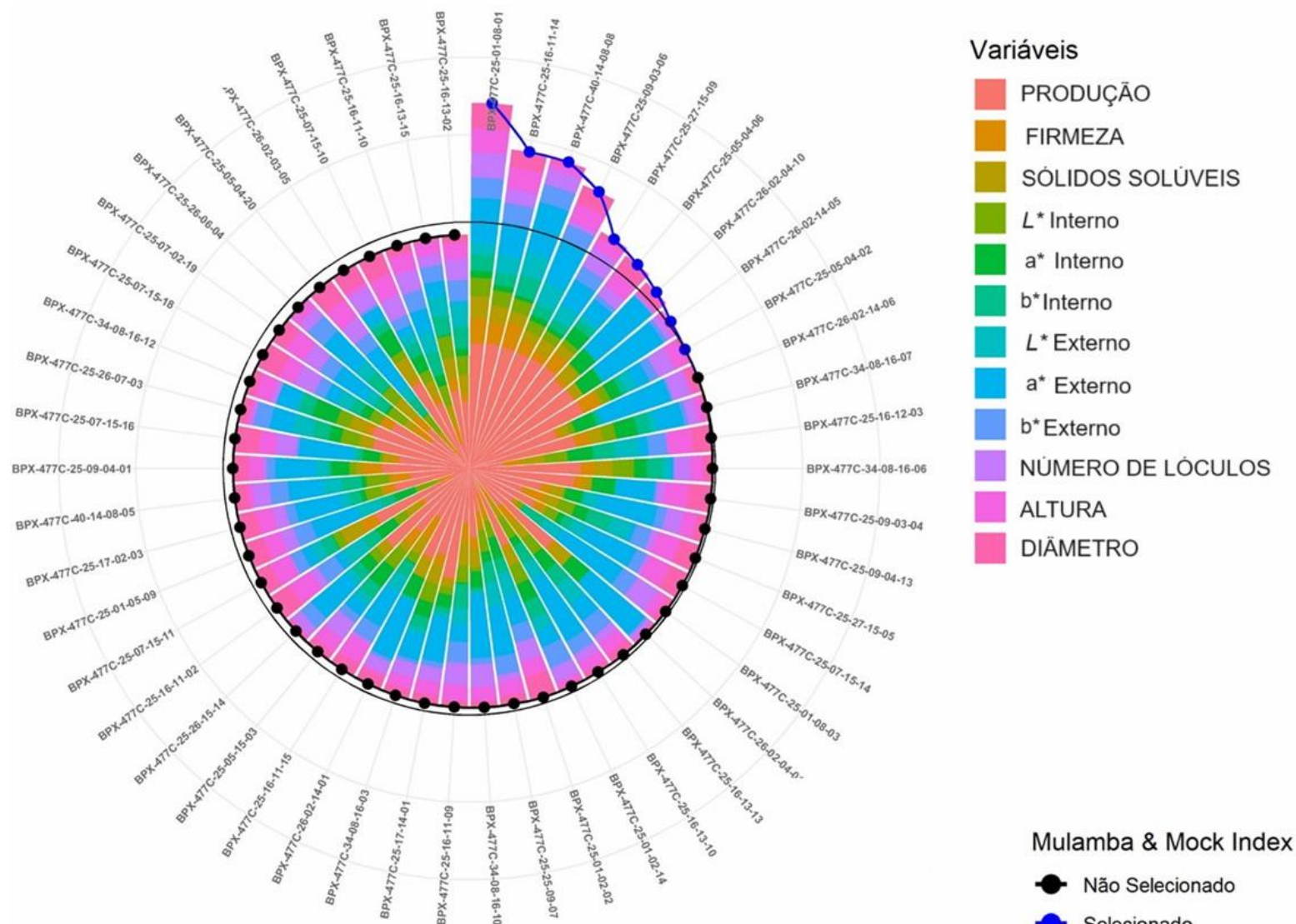


Figura 8 – Índice de seleção para as características de produção e pós colheita de frutos das linhagens avaliadas. **Fonte:** Autora (2024).

Com as análises dos critérios produtivos e de pós-colheita foi possível identificar as linhagens que se destacaram com base nos caracteres de interesse (Tabela 8). Foram ranqueadas nove linhagens: BPX-477D-26-02-14-05, BPX-477D-26-02-04-10, BPX-477D-40-14-08-08, BPX-477D-25-01-08-01, BPX-477D-25-09-03-06, BPX-477D-25-16-11-14, BPX-477D-25-05-04-02, BPX-477D-25-27-15-09 e BPX-477D-25-05-04-06. No anexo B, segue a tabela com todas as linhagens e as características genóticas de cada uma.

Entre as nove linhagens selecionadas pela análise multivariada, duas apresentaram os alelos mutantes *rin*, *nor^A* e *og^c* em seu background genético (BPX-477C-25-27-15-09 e BPX-477C-25-05-04-06) (Tabela 8). Importante salientar que houve certa coerência entre genótipos selecionados pela análise multivariada com o teste de agrupamento de médias (Tabelas 4, 5 e 6).

Tabela 8 – Constituições genóticas das linhagens selecionadas para alelos mutantes (futuros genitores para obtenção de híbridos).

Identificação	Descrição	Presença do alelo		
		<i>Old gold crimson</i> <i>og^c og^c</i>	<i>Alcobaça</i> <i>nor^A nor^A</i>	<i>Ripening inhibitor</i> <i>rin rin</i>
Linhagens/plantas	Linhagem			
BPX-477C-26-02-14-05	Normal/ <i>crimson</i>	Não	Não	Não
BPX-477C-26-02-04-10	<i>crimson</i>	Sim	Não	Não
BPX-477C-40-14-08-08	<i>alcobaça</i>	Não	Sim	Não
BPX-477C-25-01-08-01	<i>rin</i>	Não	Não	Sim
BPX-477C-25-09-03-06	<i>crimson/alcobaça</i>	Sim	Sim	Não
BPX-477C-25-16-11-14	<i>crimson/rin</i>	Sim	Não	Sim
BPX-477C-25-05-04-02	<i>alcobaça/rin</i>	Não	Sim	Sim
BPX-477C-25-27-15-09	<i>crimson/alcobaça/rin</i>	Sim	Sim	Sim
BPX-477C-25-05-04-06	<i>crimson/alcobaça/rin</i>	Sim	Sim	Sim

Fonte: Autora (2024).

4.10 DISCUSSÃO

A produção mundial de alimentos é suficiente para atender a demanda da população. No entanto, a fome ainda assola significativa faixa da população, principalmente, nos países em desenvolvimento. Dentre vários fatores que submetem indivíduos de baixa renda a falta de alimentos, a perda pós-colheita está entre os principais. No caso do tomate, por se tratar de um fruto perecível, as perdas são substanciais (RINALDI *et al.*, 2011;

ALMEIDA *et al.*, 2015; GUERRA *et al.*, 2014; CAIXETA FILHO, 2019).

A perecibilidade elevada dos frutos de tomateiro ocorrem em função de vários fatores que permeiam o processo de maturação. O amadurecimento em si é caracterizado por aumento celular, acúmulo de reservas como açúcares, ácidos, pigmentos e compostos voláteis, além da degradação de compostos tóxicos como alcaloides. Nesse processo, o amido é quebrado pela amilase, e a pectina é degradada por pectinases. Esses eventos contribuem para o aumento da doçura e amolecimento do fruto (OSORIO *et al.*, 2011; ROYCHOUDHURY, 2021).

O uso de alelos mutantes que aumentam a firmeza e diminuem a velocidade de maturação dos frutos de tomate, tem se mostrado importante ferramenta para reduzir as perdas. Entretanto, a literatura reporta que a presença desses mutantes no tomate, pode reduzir a produtividade, além de alterar as propriedades físico-químicas, reduzindo a aceitação dos frutos para consumo. Associar alelos ou genes que melhorem algumas qualidades físicas e químicas do tomateiro, pode ser um fator importante a ser explorado no melhoramento genético da cultura, buscando incrementar o sabor e melhorar a aparência dos frutos de tomateiro.

Neste estudo, reunimos em um único backgroundas mutações espontâneas que afetam o amadurecimento do tomate. As comparações de nossos resultados com os de estudos anteriores revelam resultados às vezes conflitantes que podem ser devidos ao uso de diferentes backgrounds genéticos, que trazem novas informações.

Com relação a influência dos mutantes de amadurecimento na produtividade do tomateiro, na nossa pesquisa não foi constatado, independente do background da linhagem. A exemplo disso temos a linhagem BPX-477C-25-05-04/06 que produziram cerca de 119,99 t ha⁻¹ e tem na sua constituição genotípica alelos mutantes de amadurecimento *rin* e *nor^A*, além do gene *og^c* (06), responsável pela síntese de licopeno. Assim nossos resultados refutam aos encontrados por Santos Junior *et al.* (2005), Cá *et al.* (2006) e Duarte *et al.* (2023), que relatam redução no rendimento produtivo, quando os alelos *rin*, *nor* ou *nor^A*, mesmo na condição heterozigótica, estão presentes no background do genótipo.

Assim como para produtividade, a massa média de frutos não foi afetada pela presença de alelos mutantes de maturação. Estudos anteriores relataram redução na produtividade total e massa média de frutos na presença de alelos mutantes de amadurecimento, mesmo na condição heterozigótica (SANTOS JUNIOR *et al.*, 2005). Nossa pesquisa corrobora aos resultados de Andrade Junior *et al.*, (2005) que relatam que estes parâmetros não foram modificados, mesmo quando os alelos mutantes estão em homozigose e

em associação com $og^{c+}/og^c hp^+/hp$. Estas aparentes discrepâncias entre os relatos no que diz respeito às características relacionadas com o rendimento, podem ser devidas aos diferentes antecedentes genotípicos das linhagens avaliadas nestes estudos, além de fatores fisiológicos inerentes ao genótipo.

Duarte *et al.* (2023) relatam que prováveis diminuições na colheita, particularmente nos rendimentos precoces, estão associadas ao amadurecimento lento dos frutos com os alelos mutantes, particularmente em condições homozigóticas. Essas reduções foram relatadas no genótipo *rin/rin* (CÁ *et al.*, 2006). Em genótipos heterozigótico *rin⁺/rin*, *nor/nor^A* e *nor⁺/nor* foram observadas redução na produtividade (SANTOS JÚNIOR *et al.*, 2005). Todavia, uma tendência semelhante também é observada com os genótipos *nor⁺/nor^A* *nor/nor*, *nor^A/nor^A* ou *nor/nor^A*, e em menor grau com todos os genótipos portadores de heterozigose para *rin*, *nor* ou *nor^A*. Entretanto, nenhuma dessas condições de background causaram efeitos negativos sobre os componentes de produção em nosso trabalho.

Della Vecchia e Koch (2000) e Andrade Junior *et al.* (2005) relataram que a menor produtividade do genótipo *rin/rin* pode estar associada a maior permanência dos frutos na planta, visto que o alelo *rin* retarda drasticamente o processo de maturação. No entanto, acreditamos que a permanência por mais tempo na planta possa ter efeito na precocidade de colheita e não na produtividade. Devemos salientar que, se houver alguma redução de produtividade, essa deve ocorrer mediante alterações hormonais, principalmente do etileno, que atua na abscisão de flores e frutos de cimeiras mais jovens (TAIZ *et al.*, 2017). Esse mecanismo de abscisão é natural em plantas de tomateiro do tipo salada (TUCKER; KIM, 2015).

Entre as linhagens mais produtivas BPX-477C-26-02-04-10, BPX-477C-25-05-04-02, BPX-477C-25-05-04-06 e BPX-477C-25-27-15-09, apenas a BPX-477C-25-05-04-02 não possui o alelo og^{c+} . Esse resultado nos faz presumir que o alelo de síntese de licopeno (og^c) pode ter efeito pleiotópico sobre os mutantes de amadurecimento ou outros genes, no sentido de manter a produtividade da linhagem. Essa hipótese foi cogitada por Andrade Junior *et al.* (2005) e Hazra *et al.* (2012) que demonstram que o alelo *nor⁺/nor^A* quando associado aos alelos de coloração og^{c+}/og^c e/ou hp^+/hp , tanto em homozigose, quanto combinações em heterozigose de og^c e B ou de $og^c hp$ e B, contribuem de forma positiva para aumento da produtividade e intensificar a coloração dos frutos.

O tamanho e a forma do fruto do tomate são características essenciais que influenciam o rendimento, a qualidade e a aceitação pelo consumidor (MCKENZIE *et al.*, 2017; ITO *et al.*, 2021). O tamanho do fruto do tomateiro também é influenciado pelo número

de lóculos. Dois lócus, fasciado (*f* ou *fas*) e número de lóculos (*lc*), afetam o tamanho do meristema floral e o número de órgãos/carpelos. O formato do fruto do tomateiro tem herança quantitativa que é majoritariamente atribuída a mutações em um número pequeno de genes (VREBALOV *et al.*, 2002; GIOVANNONI, 2004). A massa do fruto é controlada pelo loco *FW* (GRANDILLO *et al.*, 1999; PARAN; VAN DER KNAAP, 2007) em que, o alelo *FW2.2* aumenta o peso do fruto em até 30% em cultivares comerciais (FRARY *et al.*, 2000). O *FW2.2* codifica uma proteína localizada na membrana plasmática que inibe a divisão celular, levando a produção de frutos maiores, com células mais desenvolvidas (NESBITT; TANKSLEY, 2001).

Ao avaliarem os efeitos dos genes mutantes de amadurecimento em combinações com *og^c* em homozigose ou em heterozigose, Harza *et al.* (2012) verificaram que não houve diferenças para as características de peso e de tamanho relativo dos frutos de tomateiro. Nossos resultados corroboram os de Harza *et al.* (2012), pois não foi verificado efeitos dos alelos mutantes de amadurecimento no comprimento e diâmetro dos frutos em suficiente expressividade que pudesse modificar o seu formato.

Quatro genes controlam o formato do fruto do tomateiro, *SUN* e *OVATE* para formato alongado, Fasciated (*fas*) e Locule number (*lc*) para formato achatado (RODRIGUEZ *et al.*, 2011). As linhagens avaliadas têm formato achatado, portanto, presume-se que tenham os genes *fas* e *lc* no seu background. O gene *lc* atua de forma geral com função putativa durante o desenvolvimento floral e do fruto de tomateiro (VAN DER KNAAP *et al.*, 2014).

A firmeza dos frutos é importante para o melhoramento do tomateiro, pois contribuem para aumento da vida útil. A redução da firmeza de frutos ocorre mediante perda de integridade estrutural da parede celular primária e da lamela média, com modificações dos polissacarídeos estruturais que sofrem desesterificação e despolimerização, levando à perda de açúcares neutros e ácido galacturônico (ITO *et al.*, 2021). Ocorre também a solubilização de oligossacarídeos e resíduos de açúcar, gerando maior pressão de turgescência internamente nas células. Enzimas que modificam a parede celular, como pectina metilesterase, poligalacturonase, β -galactosidase, endo-1,4- β -D-glucanase, e xiloglucano endotransglicosilase são mais intensamente produzidas (GIOVANNONI *et al.*, 2017; ROYCHOUDHURY, 2021). A expressão da poligalacturonase aumenta aproximadamente 60.000 vezes durante o amadurecimento em um fruto normal, enquanto nos heterozigotos simples e *rin* /+, *nem* /+ duplos, esse aumento reduz para menos da metade (GIOVANNONI *et al.*, 1989).

Todos esses processos têm o alelo *rin* como regulador mestre para a maioria dos genes associados ao amadurecimento (ROYCHOUDHURY, 2021). Pesquisas relatam que a mutação *rin* afeta aproximadamente 241 genes, resultando em um fenótipo com amadurecimento severamente inibido. Isso inclui a perda do climatério respiratório, que leva ao amolecimento do fruto, mediante aumento do etileno (ITO *et al.*, 2017). A proteína *rin* é forte o suficiente para inibir a expressão da maioria dos genes associados ao amadurecimento no mutante homozigoto. No entanto, a redução da permeabilidade da parede celular, não se deve exclusivamente ao *rin*, podendo outros mecanismos-chave diminuir a taxa de amolecimento nos mutantes. Alguns estudos verificaram que a manutenção da firmeza de frutos de tomate sem o alelo *rin*, coincide com o acúmulo de várias enzimas na parede celular como MAN1, Mside7, MAN4a, TBG4, PG e PME2.1 (LI *et al.*, 2019). Esses resultados apoiam um modelo no qual o etileno é necessário para o início do amadurecimento, e a ação combinada entre o mutante *rin* e o etileno é necessária para a progressão do processo.

Outros processos não regulados pelo etileno, participam do amadurecimento do fruto, e o *rin* depende de outros componentes para inibir ou acelerar a maturação dos frutos. Há relatos de que o ácido abscísico também pode atuar no processo de maturação (CHEN *et al.*, 2016; MOU *et al.*, 2016), bem como a auxina tende a inibir o amadurecimento (SHIN *et al.*, 2019). A maneira de como essa rede complexa de fatores de transcrição e hormônios opera para controlar a expressão de muitos genes de amadurecimento, ainda está sendo ativamente investigada (LI *et al.*, 2019), mas sabe-se que juntos eles controlam a produção de enzimas para a biossíntese de pigmentos nos cromoplastos e múltiplas enzimas de amolecimento da parede celular.

Poma *et al.* (2017), relatam que as constituições genótípicas *rin*⁺/*rin* e *nor*⁺/*nor*^d são responsáveis por aumentar a firmeza dos frutos de tomate no estágio *breaker*, corroborada por Benites *et al.* (2010) que confirmaram que a presença de alelos de amadurecimento, contribuiu positivamente na firmeza inicial e que o alelo *rin* apresentou superioridade aos alelos *nor*^d e *nor* em relação à meia vida dos frutos, tanto em homozigose quanto em heterozigose. Contrariamente, Li *et al.* (2019) relatam que o amolecimento em si ocorre independentemente do alelo *rin*, o que contrasta fortemente com o fenótipo mutante *rin* original. De certa forma, nossa pesquisa corrobora o autor acima, pois as linhagens com frutos mais firmes não necessariamente possuem o mutante *rin* em seu background genético. As linhagens BPX-477C-25-07-02 e BPX-477C-25-09-02, de maior firmeza de frutos têm na sua constituição genética, os alelos mutantes *og*^c e *nor*^d, o que permite concordar em parte com o reportado por Li *et al.* (2019).

Em nosso trabalho, os frutos das linhagens se mantiveram firmes durante o processo de amadurecimento, independente do background, com pouca variação na firmeza dos frutos quando os alelos mutantes estavam presentes na constituição genotípica. Esse resultado era esperado, pois as linhagens estão em homozigose para os locos relativos aos alelos de amadurecimento, o que resulta em drástica redução na síntese de etileno e nas taxas de amolecimento (WANG *et al.*, 2018). A presença do alelo *og^c* não interferiu na firmeza dos frutos, demonstrando que este não tem efeito pleitrópico ou epistático sobre a regulação do processo de degradação da parede celular.

O direcionamento de genes relacionados à modificação da parede celular tem sido amplamente utilizado como uma estratégia para retardar o amolecimento do fruto de tomate (TUCKER *et al.*, 2017; WANG *et al.*, 2019), no entanto, não se pode descartar a possibilidade de que os mutantes de amadurecimento ao invés de reduzir drasticamente a síntese do etileno, estimulam a síntese de auxinas, que retardam o processo de maturação.

Os sólidos solúveis dos frutos de tomateiro representam a porcentagem de solutos presentes no suco de tomate e é composto principalmente por açúcares solúveis, ácidos orgânicos e substâncias aromáticas voláteis. Dentre os açúcares, predominam glicose e frutose, com menores quantidades de sacarose. Os ácidos orgânicos são predominantemente cítricos e málicos (KARADENIZ; EKŞI, 1996; ISLAM, 1997; FULTON *et al.*, 2002). O balanço entre os sólidos solúveis e os ácidos orgânicos determina sensorialmente o sabor dos frutos, melhorando a aceitação pelo consumidor.

Os tomates longa vida genético são caracterizados por apresentar sabor menos agradável ao paladar do consumidor. Devida a essa condição, os tomates do tipo longa vida estrutural, passaram a ocupar boa fatia do mercado de frutos frescos. O tomate longa vida do tipo genético (presença dos alelos mutantes) possui menor teor de sólidos solúveis (PADILHA, 2019).

A literatura relata que o aumento dos sólidos solúveis nos frutos reduz a firmeza (CHITARRA; CHITARRA, 2005). Em nossos resultados não houve correlação significativa (0,11) entre a firmeza de fruto e o teor de sólidos solúveis nas linhagens avaliadas. Nas linhagens consideradas de maturação normal a firmeza foi estimada entre 7,6 N e 8,98 N e o brix entre 3,28 e 3,82 °brix. Nas linhagens selecionadas, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento, a firmeza foi estimada entre 13,12 N a 15,01 N e teor de sólidos solúveis entre 3,12 e 3,95 °brix.

O teor de sólidos solúveis tem herança complexa, quantitativa que envolve genes de efeito aditivo (BECKLES, 2012). Ao cruzar o *S. lycopersicum* var. *cerasiforme* com

um mutante de amadurecimento (*nor*) do tipo salada, Rodriguez *et al.* (2010) identificaram na população segregante, efeitos genéticos relacionados a desvios de dominância, além do efeito pleiotrópico do alelo mutante *nor*. Entretanto, a interação alélica para o teor de sólidos solúveis na cultura do tomateiro é frequentemente descrita por diversos autores como de efeito epistático. Assim, a interação entre genes localizados em locus distintos influencia a quantidade de açúcar presente nos frutos (AKTHAR *et al.*, 2013; TIEMAN *et al.*, 2017). Essa última hipótese valida os nossos resultados, em que os mutantes de amadurecimento não influenciaram no teor de sólidos solúveis dos frutos produzidos pelas linhagens. Entendemos que genes de efeito epistático possam estar suprimindo o efeito dos alelos mutantes. O *rin* também regula funcionalmente vários genes envolvidos no metabolismo de carboidratos, conforme indicado por suas alterações na expressão em mutantes *rin* (QIN *et al.*, 2011; ROYCHOUDHURY, 2021).

Os lóculos nos frutos do tomateiro abrigam as sementes e quando em maior número resultam na forma mais achatada do fruto, o que pode aumentar 50% o tamanho do fruto (FARIA *et al.*, 2003; KITAGAWA *et al.*, 2005). Saladie *et al.*, (2007) e Ito *et al.*, (2021) obtiveram correlação fenotípica positiva entre o número de lóculos e o grau de lobulação, bem como o tamanho ou a massa do fruto. Essa correlação foi mais frequentemente notada em frutos com formas achatadas. Em nossa pesquisa, os frutos obtiveram número de lóculos que variou de 3,79 a 6,11, sendo, portanto, multiloculares, do tipo salada.

Conforme dados observados por Cá *et al.*, 2006 e Andrade Junior *et al.*, 2005 os alelos mutantes de amadurecimento em heterozigose nor^+/nor^A , rin^+/rin e nor^+/nor prejudicam a coloração dos frutos, pois atrasam a expressão da coloração vermelha, tanto externamente, quanto internamente. Foi relatado por Vrebalov *et al.* (2002) que os mutantes *rin* nunca alcançaram a coloração vermelha nem amoleceram, apresentando esse fenótipo estável por vários meses. Para entendermos melhor a expressão fenotípica da coloração interna e externa do tomateiro de frutos normal ou com alelos mutantes de amadurecimento é preciso compreender as relações de luminosidade, cromaticidade e ângulo *hue*.

Conforme nossos resultados, os lightness (valores L^*) das linhagens estudadas *rin*, *nor* e nor^A , tenderam no geral a serem superiores às do genótipo normal, tanto na parte interna do fruto, quanto na parte externa. Valores de L^* elevados são considerados indesejáveis nos frutos, pois, demonstram cores com menor luminosidade. Os menores valores de lightness observados, foram dos frutos das linhagens normais em combinação com o gene de coloração *og^c*. Resultados também encontrados por Duarte *et al.*, (2023), onde os genótipos homocigotos para nor^A/nor^A , nor/nor , rin/rin , e também aqueles funcionalmente

homozigotos *nor/nor^d*, apresentaram luminosidade (valores *L*) aumentada na epiderme, pericarpo e columela, em comparação com o genótipo normal (Floradade) e com os genótipos simples ou heterozigotos duplos nesses locos.

Observamos que entre os alelos mutantes de maturação, o homozigoto *rin/rin* apresentou os maiores valores de *L*, em comparação aos demais genótipos que contém os alelos (*nor, nor^d*). Esse efeito mais pronunciado de luminosidade em *rin⁺/rin* também foi observado por Duarte *et al.* (2023), onde heterozigotos duplos *rin⁺/rin, nor⁺/nor^d* e *rin⁺/rin, nor⁺/nor*, apresentaram valores de *L* mais altos do que os genótipos *nor⁺/nor^d* e *nor⁺/nor* isoladamente, além de valores semelhantes aos do *rin⁺/rin*.

No que se refere a inclusão de genes mutantes de coloração (*og^c*), nossos resultados mostraram sua combinação tanto com linhagens que possuem em seu background alelos mutantes de amadurecimento *rin, nor, nor^d* como em linhagens normais. Observando sua implantação como heterozigoto em combinação com o heterozigoto duplo de amadurecimento *rin⁺/rin, nor⁺/nor^d*, demonstrando impacto mínimo nos valores de luminosidade, corroborando com os resultados encontrados por Duarte *et al.* (2023).

A cromaticidade é representada pelo ângulo *hue*, os frutos das linhagens homozigotas *nor^d, nor* e *rin* exibiram os maiores ângulos de cromaticidade quando comparadas as linhagens normais, indicando impacto negativo tanto na cor interna, como na externa dos frutos. Quanto maior for o ângulo hue (H), mais esverdeada é a tonalidade dos frutos. Duarte *et al.* (2023) também obtiveram resultados parecidos, comparando o genótipo normal Floradade (tonalidades avermelhadas) ao homozigoto *rin/rin* que teve o maior impacto negativo na coloração externa e interna dos frutos, ou seja, tonalidade totalmente verde.

Observamos em nossos resultados que esses efeitos adversos podem ser mitigados pela inclusão simultânea do gene *og^c*, pois quando incluso, promoveu considerável melhora, com ângulos menores nas tonalidades da parte interna e externa dos frutos. O que também foi descrito por Duarte *et al.* (2023) onde os heterozigotos mutantes de duplo amadurecimento *rin⁺/rin nor⁺/nor^d* e *rin⁺/rin nor⁺/nor* tinham ângulos *hue* mais altos que *nor⁺/nor^d* e *nor⁺/nor* (e em menor extensão que *rin⁺/rin*) tanto interna quanto externamente, indicando um afastamento da cor vermelha. Entretanto, o efeito combinado de *ogc⁺/ogc hp⁺/hp, rin⁺/rin nor⁺/nor^d* (sendo assim, *rin⁺/rin nor⁺/nor^d ogc⁺/ogc hp⁺/hp*) apresentou ângulos hue menores, alcançando tons mais avermelhados.

Conforme os resultados de Poma *et al.* (2017) a heterozigose no loco *rin* apresentou efeito deletério na coloração, tanto na parte externa como na interna dos frutos. Porém, o emprego do gene de coloração *og^c*, tanto em homozigose quanto em heterozigose, é

capaz de contrabalançar os efeitos negativos dos heterozigotos *rin*⁺/*rin* ou *nor*⁺/*nor*⁴ na coloração interna dos frutos.

Os dados de coroma, são indicados pelos níveis de saturação (vivacidade ou a opacidade) de cor dos frutos. Valores maiores (próximos a 60) são níveis de saturação mais elevados, já valores mais próximos a 0 têm frutos com cores menos saturadas.

Foi concluído diante desses resultados, que maiores valores de coroma tanto na parte interna como externa do fruto foram observadas em genótipos com constituição genotípica *rin*, *nor*⁴ e *og*^c. E, menores valores em linhagens normais com o gene de coloração *og*^c. Sendo contrários aos dados encontrados por Duarte *et al.* (2023) onde os frutos com as combinações *nor*⁴/*nor*⁴, *nor*/*nor*, *rin*/*rin* e *nor*/*nor*⁴ apresentaram coroma inferior, ou seja, menor saturação de cor do que o genótipo normal Floradade tanto parte externa do fruto (epiderme) quanto na parte interna (pericarpo, columela e placenta).

Foram relatados efeitos indesejáveis na coloração dos frutos associados aos genótipos *rin*⁺/*rin*, *nor*⁺/*nor* ou *nor*⁺/*nor*⁴ e por outro lado, comprovado os efeitos positivos dos alelos *og*^c e *hp* na melhoria da cor dos frutos de genótipos mutantes heterozigotos (CA *et al.*, 2006, ANDRADE JÚNIOR *et al.*, 2005; POMA *et al.*, 2017; DUARTE *et al.*, 2023). Isso permite inferir sobre a influência negativa dos alelos mutantes de amadurecimento na saturação da cor dos frutos de tomate. Todavia, quando associados a genes de intensificação de coloração, pode-se promover melhoras da saturação de cor dos frutos, resultado que também foi observado por Poma *et al.* (2017) e Duarte *et al.* (2023).

Além disso, observou-se uma extensão da vida útil dos frutos quando os genótipos *rin*⁺/*rin* e *nor*⁺/*nor*⁴ foram introgrididos simultaneamente, em comparação com a implantação isolada de *rin*⁺/*rin* ou *nor*⁺/*nor*⁴ (BENITES *et al.*, 2010; DUARTE *et al.*, 2023).

Conforme resultados de Poma *et al.* (2017) as constituições genotípicas *og*^c/*og*^c *rin*⁺/*rin* *nor*⁺/*nor*⁴ ou *og*^c/*og*^c *nor*⁺/*nor*⁴ foram consideradas as mais promissoras, tanto para melhorar a conservação pós-colheita, quanto para manter ou melhorar a coloração interna e/ou externa dos frutos do tomateiro. Resultados semelhantes ao de Poma *et al.* 2017 foram observados em nossa pesquisa, pois linhagens com esse background estão bem ranqueadas. Além disso, linhagens com constituição genotípica *og*^c/*og*^c *rin*⁺/*rin* *nor*⁺/*nor*⁴ foram bem ranqueadas nas análises multivariadas e no teste de agrupamento de médias.

Wang *et al.* (2018) relatam que os alelos *rin* e *nor* juntos têm efeito aditivo aparente no heterozigoto duplo (*rin* /+, *nor* /+), retardando ainda mais o amadurecimento além de sintetizar 76% menos licopeno, do que frutos normais, exibindo um pericarpo alaranjado que permaneceu inalterado por 55 dias após a colheita. Uma redução

significativamente mais na síntese de etileno foi observada em *nor* /+, *rin* /+, com teor 37,13 e 25% do obtido em frutos normais, no mesmo estágio. Entretanto, em nossos achados, as linhagens que apresentaram combinação alélica *rin* e *nor* associada a *ogc*, não demonstraram efeito de aditividade relatado por Wang *et al.* (2018), muito provavelmente porção pleitrópica do *ogc*.

Os híbridos F₁ contendo esses alelos mutantes levam relativamente mais dias para passar do estágio verde maduro ao estágio totalmente maduro em comparação com cultivares normais. Em regiões do norte da Índia, esses alelos mutantes prolongam o período de disponibilidade dos frutos, retardando o amadurecimento dos frutos na planta. Híbridos heterozigotos para esses alelos mutantes mostram um desempenho mais uniforme em diversos ambientes e condições de estresse do que os homozigotos, uma característica conhecida como 'homeostase fisiológica'. Assim, híbridos F₁ heterozigotos para esses alelos mutantes são uma solução chave para reduzir perdas pós-colheita e aumentar o período de disponibilidade dos frutos mais eficazmente do que outros genótipos normais (GARG *et al.*, 2008a; GARG *et al.*, 2008b).

As análises multivariadas que consideram como ideal o equilíbrio entre as características de produção e de qualidade de frutos para selecionar os melhores, tem sido uma ferramenta de grande utilidade em programas de melhoramento. Das nove linhagens selecionadas pela multivariada, algumas coincidiram com as mais bem ranqueadas por meio do teste de agrupamento de médias de Scott Knott, para caracteres relativos aos componentes de produção e qualidade de frutos. Nesse contexto, as linhagens BPX-477C-25-05-04, BPX-477C-25-05-06 e BPX-477C-25-27-15 foram ranqueadas na análise multivariada e se destacaram pelo teste de agrupamento de médias, para caracteres de produção, principalmente, para produtividade e massa comercial de frutos. Para os parâmetros de qualidade de frutos além das duas linhagens acima, a BPX-477C-25-09-03 passou a fazer parte do grupo, selecionada em ambas as metodologias estatísticas, para caracteres de firmeza, sólidos solúveis e ângulo *hue*.

No contexto geral a análise multivariada convalida os resultados obtidos e a seleção das melhores linhagens realizadas por meio do agrupamento de médias e análise de variância. Além disso dá segurança da seleção de genótipos mais equilibrados quanto aos caracteres de produção e qualidade de frutos.

4.11 CONCLUSÃO

As linhagens de tomateiro portadoras dos alelos mutantes de amadurecimento *rin* e *nor* associadas ou não ao gene de síntese de licopeno *ogc*, não tiveram a produtividade reduzida.

A linhagem BPX-477C-25-05-04-06 apresentou bons parâmetros produtivos e de qualidade de frutos, apresentando na sua constituição genética os alelos mutantes de amadurecimento *rin* e *nor* e o gene de síntese de licopeno *ogc*, portanto, promissora para uso na obtenção de híbridos.

O alelo responsável pela síntese de licopeno *ogc*, apresentou indícios de efeito pleiotrópico nos locos dos alelos *rin* e *nor*^A, diminuindo o efeito inibitório da coloração interna e externa dos frutos de tomateiro, aumentando a tonalidade de vermelho intenso.

Mediante critérios produtivos e de qualidade de frutos, selecionou-se as linhagens que continham os genes de interesse pelo índice hierárquico dos genótipos, sendo elas: BPX-477C-26-02-14-05, BPX-477C-26-02-04-10, BPX-477C-40-14-08-08, BPX-477C-25-01-08-01, BPX-477C-25-09-03-06, BPX-477C-25-16-11-14, BPX-477C-25-05-04-02, BPX-477C-25-27-15-09 e BPX-477C-25-05-04-06, para a próxima fase do programa de melhoramento, a hibridação destes genitores pais (linhagens selecionadas) com genitores femininos com características comerciais.

4.12 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AKHTAR, S.; HAZRA, P. Nature of gene action for fruit quality characters of tomato (*Lycopersicon lycopersicum*). **African Journal of Biotechnology**, v.12, p.2869-2875, 2013.

ALMEIDA, J.; ASIS, R.; MOLINERI, V.N.; et al. Frutos de mutantes de tomate com amadurecimento prejudicado, degradados pela clorofila e insensíveis ao jasmonato alteraram o conteúdo e a composição do tocoferol. **Fitoquímica** v. 111, p. 72-83, 2015.

ALMEIDA, S. M.; BISPO, N. S.; SALES, H. D.; ARAÚJO, V. O.; SILVA R. A. D. Qualidade de cenouras comercializadas em supermercado e feira livre na cidade de Januária, Minas Gerais. **Brazilian Journal of Developmen**.v.7 (4): p. 35548-35559, 2021.

ANDRADE JUNIOR, V. C.; MALUF, W. R.; FARIA, M. V.; BENITES, F. R. G.; SANTOS JÚNIOR, A. M. Yield and fruit quality of tomato hybrids heterozygous for ripening and color mutant alleles. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.40, n.6, p.555-561, jun. 2005.

ARAÚJO, M. L.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; OLIVEIRA, A. C. B. Intra and interlocus interactions between alcobaça (*alc*), crimson (*ogc*) and high pigment (*hp*) loci in tomato *Lycopersicon esculentum* Mill. **Euphytica**, Wagenigen, v. 125, n. 2, p. 215-225, 2002.

BECKLES, D.; M. Fatores que afetam os sólidos solúveis pós-colheita e o teor de açúcar do tomate (*Solanum lycopersicum* L.), **ScienceDirect**, 63, p.129–140, 2012.

BENITES, F. R. G.; MALUF, W. R.; PAIVA, L. V.; FARIA, M. V.; JUNIOR, V. C. A.; GONÇALVES, L. D. Allelism test between the alcobaça and non-ripening mutants in tomato plants. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v. 34, Edição Especial, p. 1669-1673, 2010.

BUESCHER, R. W.; TIGCHELAAR, E. C. Pectinesterase, polygalacturonase, ex-cellulase activities and softening of the *rin* tomato mutant. **HortScience**, Alexandria, v. 10, n. 6, p. 624-625, Dec. 1975.

CÁ, J. A.; MALUF, W. R.; GOMES, L. A. A.; NASCIMENTO, I. R.; FARIA, M. V.; LICURSI, V.; MORETTO, P. Híbridos de tomateiro longa-vida com frutos de maior intensidade de coloração. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.9, p.1377- 1384, set. 2006.

CAIXETA FILHO, J.V. Transportes de produtos agrícolas: sobre a questão das perdas. **Revista de Economia e Sociologia Rural**, v. 34, n. 3, p. 173-199, 2019. Disponível em: <http://www.resr.periodikos.com.br/article/5d8915f00e8825b876c51226>. Acesso em: 07 abr. 2024.

CANTERI, M. G., ALTHAUS, R. A., VIRGENS FILHO, J. S., GIGLIOTI, E. A., GODOY, C. V. SASM - Agri: Sistema para análise e separação de médias em experimentos agrícolas pelos métodos Scott - Knott, Tukey e Duncan. **Revista Brasileira de Agrocomputação**. v.1, n.2, p. 18-24. 2001.

CASALS, J.; RULL, A.; GINÉ-BORDONABA, J. Changes in Ripening-Related Quality Traits of Long Shelf Life Tomatoes as Influenced by Water Deficit and Short-Term Postharvest Storage. **Agronomy**, 11, 2304, 2021. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112304>

COSTA NETA, C. M.; MARTINS, A. K.V.; AMORIM, D. J.; SILVA, M. S.; FERREIRA, L. S, SILVA, M. D. C.; PIRES, I. C. G.; ALMEIDA, E. I. B. Perdas pós-colheita de frutas em diferentes segmentos comerciais de Teresina, (PI). **Revista Ibero Americana de Ciências Ambientais**, v. 11 (3), p. 440-453, 2020.

CHEN, P.; SUN, Y.F.; KAI, W.B.; LIANG, B.; ZHANG, Y.S.; ZHAI, X.W.; JIANG, L. DU, Y.W.; LENG, P. Interactions of ABA signaling core components. SIPYLs, SIPP2Cs, and SLSnPK2s. in tomato *Solanum lycopersicon*. **Journal of Plant Physiology**, 205: 67–74, 2016.

CHITARRA, M.I.F.; CHITARRA, A.B. **Pós-colheita de frutas e hortaliças: fisiologia e manuseio**. Lavras: UFLA, 2005. 785p

CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2. ed. Viçosa: UFV, p.390, 2001.

DELLA VECCHIA, P. T.; KOCH, P. S. Tomates longa vida: O que são, como foram desenvolvidos? **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 18, n. 1, p. 3-4, março 2000.

DUARTE, G. N.; MALUF, W. R.; DUARTE, G. B.; OLIVEIRA, A. S.; LICURSI, V. Fruit color and firmness in tomato hybrids as a function of the alleles *rin*, *nor*, *norA*, *ogc* and *hp*, **Scientia Horticulturae**, v. 319, p. 112–159, 2023.

EMBRAPA, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Humberto Gonçalves dos Santos ... [et al.]. – 5. ed., rev. e ampl. – Brasília, DF: 2018.

FARIA, M. V.; MALUF, W. R.; AZEVEDO, S. M. de; ANDRADE JUNIOR, V. C. de; GOMES, L. A. A.; MORETTO, P.; LICURSI, V. Yield and post-harvest quality of tomato hybrids heterozygous at the loci alcobaça, old gold-crimson or high pigment **Genetics and Molecular Research**, v.2, p.317-327, 2003.

FARIA, M. V.; MALUF, W. R.; DE RESENDE, J. T. V.; ANDRADE JUNIOR, V. C.; NASCIMENTO, I. R.; BENITES, F. R. G.; DE MENEZES, C. B.; AZEVEDO, S. M. Rin, nor(A), og(c) and hp mutants in tomatoes with different genetic backgrounds. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.5, p.793-800, maio 2006.

FRARY, A. *et al.* FW2.2: A Quantitative Trait Locus Key to the Evolution of Tomato Fruit Size. **Science**, 289,85-88, 2000.

FULTON, T. M; BUCHELI, P.; VOIROL, E.; TANKSLEY, S. D. Loci de características quantitativas (QTL) que afetam açúcares, ácidos orgânicos e outras propriedades bioquímicas possivelmente contribuindo para o sabor, identificados em quatro populações avançadas de retrocruzamento de tomate. **Euphytica**, 127, 163–177, 2002.

GARG, N.; CHEEMA, D.S. Interações genótipo ambiente para vida de prateleira e atributos de rendimento em híbridos de tomate heterozigotos em rin, nor ou alc Loci. **J. Melhoria de colheita**. v. 22, p. 17-30, 2008a.

GARG, N.; CHEEMA, D. S.; DHATT, A. S. Genética das características de rendimento, qualidade e prazo de validade em tomate em condições normais e tardias de plantio. **Euphytica**, v. 159, p. 275–288, 2008b.

GIOVANNONI, J.J. Genetic regulation of fruit development and ripening. **Plant Cell**, 14: S170–S180, 2004.

GIOVANNONI, J.; NGUYEN, C.; AMPOFO, B. ZHONG, S.; FEI, Z. O epigenoma e a transcrição dinâmica do amadurecimento dos frutos. **Revisão Anual de Biologia Vegetal**, v. 68, p. 61-84, 2017.

GIOVANNONI, J.J.; DELLAPENNA, D.; BENNETT, A.B.; FISCHER, R.L. A expressão de um gene quimérico de poligalacturonase em tomateiro transgênico rin (inibidor de amadurecimento) resulta na degradação do poliuronídeo, mas não no amolecimento do fruto. **Célula Vegetal**, v. 1, p. 53, 1989.

GLOSSARY KONICA MINOLTA. **Konica Minolta Color**. 2014. Disponível em: <<https://www.konicaminolta.com/global-en/investors/glossary/index.html>>. Acesso em: 10 abr. 2024.

GRANDILLO, S.; KU, H.; TANKSLEY, S. Identificando os loci responsáveis pela variação natural no tamanho e forma do fruto no tomate. **Theor Appl Genet**, 99, 978–987, 1999.

GUERRA, A.M.N.M.; COSTA, A.C.M.; FERREIRA, J.B.A.; TAVARES, P.R.F.; MARACÓJÁ, P.B.; COELHO, D.C.; ANDRADE, M. E. L. Perdas pós-colheita em tomate, pimentão e cebola no mercado varejista de Santarém – PA. ACSA – **Agropecuária Científica no Semi-Árido**. 10 (3): 08-17, 2014.

GUERRA, A.M.N.M.; COSTA, A.C.M.; FERREIRA, J.B.A.; TAVARES, P.R.F.; VIEIRA, T.S. Perdas pós-colheita em hortaliças provocados por danos na rede varejista de Santarém-PA. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável (RBAS)**. 8(2): 106-114, 2018.

HAZRA, P. et al. Effect of mutant genes on the content of the nutritive quality related compounds in Tomato (*Solanum lycopersicum*) fruits. **Acta Horticulturae**, The Hague, v. 960, p. 311-318, 2012.

ISLAM, M.; S. Variabilidade em diferentes características físicas e bioquímicas de seis genótipos de tomate de acordo com os estágios de maturação. **Bangladesh J. Bot.**, 26, p. 137-147, 1997.

ITO, Y.; NAKAMURA, N.; KOTAKE-NARA, E. Semi-dominant effects of a novel ripening inhibitor (*rin*) locus allele on tomato fruit ripening. **Plos one**, 16 (4): e0249575. 2021.

ITO, Y.; NISHIZAWA-YOKOI, A.; ENDO, M.; MIKAMI, M.; SHIMA, Y.; NAKAMURA, N.; KOTAKE-NARA, E.; KAWASAKI, S.; TOKI, S. Re-evaluation of the *rin* mutation and the role of *RIN* in the induction of tomato ripening. **Nat Plants**. 2017 Nov; 3(11):866-874. doi: 10.1038/s41477-017-0041-5. Epub 2017 Oct 30. PMID: 29085071.

ITO Y; NISHIZAWA-YOKOI A.; ENDO, M.; MIKAMI, M.; TOKI, S. CRISPR/Cas9-mediated mutagenesis of the *RIN* locus that regulates tomato fruit ripening. **Biochem Biophys Res Commun**, 467: 76-82, 2015.

ITO, Y.; SEKIYAMA, Y.; NAKAYAMA, H. et al. Mutações alélicas no locus inibidor de amadurecimento geram ampla variação no amadurecimento do tomate. **Fisiologia Vegetal**, v. 183, p. 80-95, 2020.

KARADENIZ, F.; EKŞİ, A. Uma pesquisa sobre a composição química da polpa de tomate. **Turk. J. Agric.**, 20, p. 445-448, 1996.

KITAGAWA, M.; ITO, H.; SHIINA, T.; NAKAMURA, N.; INAKUMA, T.; KASUMI, T. Caracterização do amadurecimento de frutos de tomate e análise da expressão gênica em híbridos F1 do mutante inibidor de amadurecimento (*rin*). **Planta Fisiol.** v. 8 p.123-331, 2005.

KOPELIOVITCH, E.; RABINOWITCH, H. D.; MIZRAHI, Y.; KEDAR, N. The potencial of ripening mutants for extending the storage life of the tomato fruit. **Euphytica**, Wageningen, v. 28, n. 1, p. 99-104, Feb. 1979.

KUMAR, R.; TAMBOLI, V.; SHARMA, R.; SREELAKSHMI, Y. NAC-NOR mutations in tomato Penjar accessions attenuate multiple metabolic processes and prolong the fruit shelf life, **Food Chemistry**, Volume 259, Pages 234-244, 2018.

KUMAR, V. Pre-breeding: its applications in crop improvement. **Double Helix Research**, v.16, p.2250-3668. 2014.

KUMAR, V.; IRFAN, M.; GHOSH, S.; CHAKRABORTY, N.; CHAKRABORTY, S.; DATTA, A. Mutantes de amadurecimento de frutas revelam metabolismo celular e Estado redox durante o amadurecimento. **Protoplasma**, v. 253, p. 581-594, 2016.

- LEAL, N. R.; MIZUBUTI, A. Características e conservação natural pós-colheita de frutos de híbridos entre a introdução 'alcobaça' e alguns cultivares de tomate. **Experientiae**, v.19, p.239-257, 1975.
- LI, S.; ZHU, B.; PIRRELLO, J.; XU, C.; ZHANG, B.; BOUZAYEN, M.; GRIERSON, D. Papéis do rin e do etileno no amadurecimento dos frutos do tomate e nas características associadas ao amadurecimento. **New Phytologist**, 226(2), 460-475, 2019.
- MCKENZIE, T.J.; SINGH-PETERSON L.; UNDERHILL S.J.R. Quantificando a perda pós-colheita e a implicação de decisões baseadas no mercado: um estudo de caso de duas cadeias comerciais de abastecimento doméstico de tomate em Queensland - Austrália, **Horticultura**, v.3, 2017.
- MOU, W.; LI, D.; BU, J.; JIANG, Y.; KHAN, ZU.; LUO, Z.; MAO, L.; YING, T. Comprehensive analysis of ABA effects on ethylene biosynthesis and signalling during tomato fruit ripening. **PLoS ONE**, 11: e0154072, 2016.
- MOORE, S.; VREBALOV, J.; PAYTON, P.; GIOVANNONI, J. Use of genomics tools to isolate key ripening genes and analyse fruit maturation in tomato. **Journal of experimental Botany**, Oxford, v. 53, n. 377, p. 2023-2030, Oct. 2002.
- MULAMBA, N.N.; MOCK, J.J. Improvement of yield potential of the Eto Blanco maize (*Zea mays* L.) population by breeding for plant traits. **Egypt Journal of Genetics and Cytology**, Alexandria, v.7, p.40-51, 1978.
- NATALINI, A.; ACCIRRI, N.; CARDI, T. Breeding for Nutritional and Organoleptic Quality in Vegetable Crops: The Case of Tomato and Cauliflowe **Agriculture**, 11, 606, 2021.
- NESBITT, T. C.; TANKSLEY, S. D. *fw2.2* Directly Affects the Size of Developing Tomato Fruit, with Secondary Effects on Fruit Number and Photosynthate Distribution, **Plant Physiology**, Volume 127, Issue 2, Pages 575–583, October 2001.
- OSORIO, S.; ROB, A.; DAMASCENO, C.M.B; LÓPEZ-CASADO, G.; LOHSE, M.; ZANOR, M.I.; TOHGE, T.; USADEL, B.; ROSA, J. K. FEI, Z.; E OUTROS. Biologia de sistemas do desenvolvimento de frutos de tomate: análise combinada de transcrição, proteína e metabólito do fator de transcrição do tomate (nor, rin) e mutantes do receptor de etileno (Nr) revela novas interações regulatórias. **Fisiol Vegetal**, v. 157, p. 405–425, 2011.
- PADILHA, A., A. **Controle genético do teor de sólidos solúveis e do sabor em tomate**. UEPG, Universidade estadual de Ponta Grossa, 79p., 2019.
- PARAN, I.; VAN DER KNAAP, E. Regulação genética e molecular de características de domesticação de frutas e plantas em tomate e pimenta. **Journal of Experimental Botany**, v. 58, p. 3841–3852, 2007.
- POMA, B., A., et al. Fruit color and post-harvest shelf life in tomato affected by the ogc, nor A, and rin alleles. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 52, n. 9 pp. 743-750, 2017.
- QIN, G.; WANG, Y.; CAO, B.; WANG, W.; TIAN, S. Desvendando a rede regulatória do fator de transcrição da caixa MADS RIN em amadurecimento de frutos. **Planta J.**, v. 70, p. 243–255, 2011.

RESENDE, M.D.V. de. *Genética biométrica e estatística no melhoramento de plantas perenes* Brasília: Embrapa Informação Tecnológica; **Colombo: Embrapa Florestas**, p. 975, 2002.

RINALDI, M. M.; SANDRI, D.; OLIVEIRA, B. N.; SALES, R. N.; AMARAL, R. D. A. Avaliação da vida útil e de embalagens para tomate de mesa em diferentes condições de armazenamento. **B.CEPPA**, Curitiba, v.29, n.2, p.305-316, jul./dez. 2011.

RODRIGUEZ, G. R.; PRATTA, G. R.; LIBERATI, D. R.; ZORZOLI, R.; PICARDI, L. A. Inheritance of shelf life and other quality traits of tomato fruit estimated from F1's, F2's and backcross generations derived from standard cultivar, nor homozygote and wild cherry tomato. **Euphytica**, v.176, p.137- 147, 2010.

RODRIGUEZ, G. R.; MUÑOS, S.; ANDERSON, C.; SIM, S.; MICHEL, A.; CAUSSE, M.; B. GARDENER, B. M.; FRANCIS, D.; VAN DER KNAAP, E. Distribution of SUN, OVATE, LC, and FAS in the Tomato Germplasm and the Relationship to Fruit Shape Diversity, **Plant Physiology**, v. 156, Issue 1, Pages 275–285, May 2011.

ROOHANITAZIANI, R.; LAMMERS, M.; MOLTHOFF, J.; TIKUNOV, Y.; DEKENS, M. F.; VISSER, R. G. F.; VAN ARKEL, J.; FINKERS, R.; MAAGD, A. D. R.; BOVY, R. G. Phenotyping of a diverse tomato collection for postharvest shelf-life, **Postharvest Biology and Technology**, Volume 188, 111908, 2022.

ROYCHOUDHURY, A. Ripening Inhibitor (RIN): A master switch in the molecular regulation of ethylene-dependent climacteric fruit ripening. **Published in International Journal of Recent Innovation in Food Science & Nutrition**. v. 4, 2021.

SALADIE, M.; MATAS, A.J.; ISAACSON, T.; JENKS, M.A.; GOODWIN, S.M.; NIKLAS, K.J.; et al. Uma reavaliação dos principais fatores que influenciam o amolecimento e a integridade dos frutos do tomate. **Fisiol Vegetal**. v.144, p.28–1012, 2007.

SANTOS JUNIOR, A. M.; MALUF, W. R.; FARIA, M. V.; ANDRADE JUNIOR, V. C.; NASCIMENTO, I. R.; BENITES, F. R. G.; GOMES, L. A. A. Yield, quality and conservation of heterozygous tomatoes in alcobaça, nonripening and ripening inhibitor loci. **Pesquisa Agropecuária Brasileira, Brasília**, v.40, n.12, p.1203-1210, dez. 2005.

SHIN, J.; MILA, I.; LIU, M.; RODRIGUES, M.; VERNOUX, T.; PIRRELLO, J.; BOUZAYEN, M. The RIN-regulated small auxin-up RNA SAUR69 is involved in the unripe-to ripe phase transition of tomato fruit via enhancing sensitivity to ethylene. **New Phytologist**, 222: 820–836, 2019.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. MOLLER, I. M.; MURPHY, A. **Fisiologia e desenvolvimento vegetal**, 6. ed. Porto Alegre, Artmed Editora, 888 p., 2017.

THOMPSON, A. E.; HEPLER, R. W.; KER, E. A. Clarification of the inheritance of high total carotenoids pigments in the tomato. **Proceedings of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 81, p. 434-442, 1962.

THOMPSON, A. E.; TOMES, M. L.; ERICKSON, H. T.; WANN, E. V.; ARMSTRONG, R. J. Inheritance of crimson fruit color in tomatoes. **Proceeding American Society for Horticultural Science**, College Park, v. 91, n. 2, p. 495-504, Dec. 1967.

THOMPSON, A. E.; TOMES, M. L.; WANN, E. V.; McCOLLU, J. P.; STONER, A.K.

Characterization of crimson tomato fruit color. **Proceeding American Society for Horticultural Science**, College Park, v.86, n.1, p.610-616, July 1965.

TIEMAN, D.; ZHU, G.; RESENDE, M. F. R.; LIN, T.; NGUYEN, C.; BIES, D.; RAMBA, J. L.; BELTRAN, K. S. O.; TAYLOR, M.; ZHANG, B.; IKEDA, H.; LIU, Z.; FISHER, J.; ZEMACH, I.; MONFORT, A.; ZAMIR, D.; GRANELL, A.; KIRST, M.; HUANG, S.; KLEE, H. A chemical genetic roadmap to improved tomato flavor. **Plant Science**, v.355, p.391-394, 2017.

TUCKER, M. L.; KIM, J. Abscission research: what we know and what we still need to study. **Tewart Postharvest Review**, v. 2, p. 7, 2015.

TUCKER, G.; YIN, X.; ZHANG, A.; WANG, M.; ZHU, G.; LIU, X.; XIE, X.; CHEN, K.; GRIERSON, D. Ethylene and fruit softening. **Food Quality and Safety**, 1: 253–267, 2017.

ULUISIK, S.; CHAPMAN, NH; SMITH, R.; POOLE, M.; ADAMS, G.; GILLIS, RB; BESONG, DTM; SHELDON, J.; STIEGELMEYER, S.; PÉREZ, L.; et al. Melhoramento genético do tomate através do controle direcionado do amolecimento dos frutos. **Nat. Biotecnologia**, v. 34, p. 950–952, 2016.

VAN DER KNAAP, E.; CHAKRABARTI, M.; CHU Y.H.; CLEVINGER J.P.; ILLA-BERENGUER, E.; HUANG, Z.; KEYHANINEJAD, N.; UM, Q.; SUN, L.; WANG, Y. E.; WU, S. O que está além do olho: os mecanismos moleculares que regulam o peso e a forma do fruto do tomate. **Plant Sci. Isaías 5:227**, 2014.

VREBALOV, J.; RUEZINSKY, D.; PADMANABHAN, V.; WHITE, R.; MEDRANO, D.; DRAKE, R.; SCHUCH, W.; GIOVANNONI, J. A MADS-box gene necessary for fruit ripening at the tomato ripening-inhibitor (rin) locus. **Science**, 296: 343–346, 2002.

WANG, R.; MARTINELLI, E.; ANGENENT, G.; LAMMERS, M.; DE MAAGD, A. Reevaluation of transcription factor function in tomato fruit development and ripening with CRISPR/Cas9-mutagenesis. **Scientific Reports**, 9: 1696. 2019.

WANG, R.; LAMMERS, M.; TIKUNOV, Y.; BOVY, A.G.; ANGENENT, G.C.; DEWU, Q.; BAI, J.; TAO, X.; MOU, W.; LUO, Z.; MAO, L.; BAN, Z.; YING, T.; LI, L. Synergistic effect of abscisic acid and ethylene on color development in tomato (*Solanum lycopersicum* L.) fruit. **Scientia Horticulturae**, v. 235, 169-180, 2018.

5 ARTIGO B – ESTABILIDADE E ADAPTABILIDADE TEMPORAL DE LINHAGENS DE TOMATEIRO CONTENDO ALELOS MUTANTES DE AMADURECIMENTO

5.1 RESUMO

Os componentes de produção e qualidade de frutos de tomateiro normalmente tem controle genético quantitativo, em que a expressão fenotípica, além dos efeitos ambientais, sofre influência de genes de efeito aditivo, pleiotrópico e epistático. Apesar da alta herdabilidade, os caracteres de herança poligênica, possuem interação acentuada com o ambiente. Os alelos mutantes de amadurecimento *rin*, *nor* e *nor^d* e o de síntese de pigmentos (*og^c*), não são diferentes, pois as condições de temperatura, luminosidade e umidade, podem interagir com esses alelos, modificando o processo de maturação, principalmente, a coloração do fruto. Estudos que visem quantificar os efeitos da interação genótipo × ambiente são importantes no planejamento de programas de melhoramento, principalmente na obtenção de híbridos. Linhas isogênicas que apresentam boa estabilidade e adaptabilidade, aumentam as probabilidades de que essas características sejam herdadas pelos híbridos. No nosso trabalho testamos 32 linhagens de tomateiro isogênicas, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento e de pigmentação (*og^c*), com objetivo de estimar a adaptabilidade e estabilidade temporal, com vistas a seleção das melhores linhas para confecção de híbridos do tipo extralonga vida. Para estimar a adaptabilidade e estabilidade foram empregados diferentes modelos matemáticos, paramétricos e não paramétricos. Foram avaliadas 32 linhagens com 14 plantas por parcela em ambiente protegido. Para estimar os parâmetros foi utilizado a produção de frutos com padrões comerciais. Os métodos aplicados discriminaram linhagens com ampla estabilidade e adaptabilidade temporal, adaptabilidade específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis e, produtivas. Algumas linhagens foram discriminadas em pelo menos três dos quatro métodos empregados, com destaque para BPX-477C-25-07-02 (*nor^d*, *og^c*), BPX-477C-25-05-04 (*rin*, *nor^d*, *og^c*), BPX-477C-26-02-03(*og^c*), BPX-477C-26-02-04 (*og^c*) de ampla adaptabilidade, BPX-477C-25-16-12 (*rin*, *og^c*), BPX-477C-25-16-11 (*rin*, *og^c*) e BPX-477C-25-16-13 (*rin*, *og^c*) de adaptabilidade específica para ambientes desfavoráveis e, BPX-477C-25-09-03 (*nor^d*, *og^c*) de responsivo a ambiente favorável. Portanto é salutar concluir que as linhagens selecionadas além de estáveis e produtivas, são promissoras para compor cruzamentos na obtenção de híbrido do tipo extralonga vida, ainda não existentes no mercado. **Palavras-chave:** *Solanum lycopersicum*. Interação genótipo ambiente. Expressão fenotípica. Coloração de frutos. Extralonga vida.

5.2 ABSTRACT

The components of production and quality of tomato fruits usually are under quantitative genetic control, where phenotypic expression, in addition to environmental effects, is influenced by genes with additive, pleiotropic, and epistatic effects. Despite high heritability, polygenic traits exhibit significant interaction with the environment. Mutant ripening alleles *rin*, *nor*, *nor^d*, and the pigment synthesis allele (*og^c*) are not different, as temperature, light, and humidity conditions can interact with these alleles, altering the ripening process, particularly fruit coloration. Studies aimed at quantifying the effects of genotype × environment interaction are important for breeding programs, especially in the development

of hybrids. Isogenic lines that demonstrate good stability and adaptability increase the likelihood that these traits will be inherited by the hybrids. In our study, we tested 32 isogenic tomato lines carrying mutant alleles for ripening and pigmentation (*og^c*), aiming to estimate temporal adaptability and stability with a view to selecting the best lines for the creation of long shelf-life hybrids. Different mathematical models, both parametric and non-parametric, were used to estimate the adaptability and the stability. The 32 lines were evaluated with 14 seedlings per plot in a protected environment. To estimate the parameters, fruit production with commercial standards was used. The applied methods distinguished lines with broad temporal stability and adaptability, specific adaptability to favorable and unfavorable environments, and high productivity. Some lines were distinguished in at least three of the four methods used, notably BPX-477C-25-07-02 (*nor^d*, *og^c*), BPX-477C-25-05-04 (*rin*, *nor^d*, *og^c*), BPX-477C-26-02-03 (*og^c*), BPX-477C-26-02-04 (*og^c*) with broad adaptability, BPX-477C-25-16-12 (*rin*, *og^c*), BPX-477C-25-16-11 (*rin*, *og^c*) and BPX-477C-25-16-13 (*rin*, *og^c*) with specific adaptability to unfavorable environments, and BPX-477C-25-09-03 (*nor^d*, *og^c*) responsive to favorable environments. Therefore, it is important to conclude that the selected lines, in addition to being stable and productive, are promising for crosses aimed at obtaining long shelf-life hybrids, which are not yet available in the market.

Keyword: Genotype-environment interaction. Phenotypic expression. Fruit color. Extra shelf life.

5.3 INTRODUÇÃO

O tomateiro *Solanum lycopersicum* L é a hortaliça fruto mais consumida no mundo. A sua popularidade deve-se a versatilidade no consumo e valores nutricionais, por ser rico em licopeno, vitaminas e minerais. Cultivado em diversos países, o tomateiro tem extensa adaptação a inúmeras condições edafoclimáticas, produzindo frutos o ano todo. Diante de muitos atributos favoráveis, o tomateiro apresenta como fator negativo a perecibilidade acelerada dos frutos após a colheita. Incorporar a característica ‘longa vida’ aos frutos, foi uma das maiores transformações tecnológicas ocorridas no cultivo do tomateiro.

Parte do mercado *in natura* é suprido com frutos do tipo longa vida, cuja conservação pós-colheita prolongada, ocorreu por meio do emprego de mutantes de amadurecimento. Entretanto, os híbridos disponíveis no mercado, portadores desses alelos, produzem frutos cujo sabor e coloração não atendem as expectativas do consumidor, que tem optado pelo tomate do tipo italiano, com sabor mais pronunciado e coloração mais intensa de epiderme e polpa. Utilizar linhagens que possam combinar longa vida e melhor sabor e coloração nos frutos, deve ser prioridade no desenvolvimento de híbridos.

A escolha de linhagens promissoras para serem utilizadas como genitores em cruzamentos na obtenção de híbridos é de fundamental importância, porém, além da capacidade geral e específica de combinação, as linhagens devem possuir características que sejam compatíveis com o sistema de produção e exigência do mercado consumidor. No tomateiro de mesa, não basta que o híbrido seja produtivo e com frutos de qualidade pós-

colheita, atributos relacionados a estabilidade e adaptabilidade são importantes, principalmente quando se considera a produtividade ao longo do período de cultivo. Usar linhagens em cruzamentos que possuem esses atributos, aumenta a probabilidade desses caracteres serem transferidos para os híbridos.

Quanto mais adaptado e estável for o genótipo ao ambiente de cultivo, com uniformidade na distribuição da produção ao longo do ciclo, maior será a rentabilidade do produtor. Caracteres de produção são normalmente de herança quantitativa, onde genes de dominância, pleiotrópicos e de efeitos epistáticos, atuam de forma ordenada, proporcionando máximo rendimento produtivo e elevado padrão de qualidade. No entanto, esses genes têm grande variação na expressão fenotípica devido a influência do ambiente. Assim, conhecer da interação genótipos \times ambientes é fundamental para o programa de melhoramento de plantas, pois afeta a maioria das características de interesse.

Avaliar e estimar o quanto dessa variação é ambiental ajuda na predição de desempenho de híbrido em diferentes condições de cultivo. Detectar o comportamento do genótipo em um ambiente em detrimento a outro, facilita na recomendação de cultivares e na escolha de genitores de ampla adaptabilidade (CRUZ, REGAZZI; CARNEIRO, 2014; AMARAL; MÔRO, 2017).

Estudos de interação genótipo \times ambiente é crucial para entender o comportamento de genótipos a diferentes condições ambientais. Essa interação pode ser classificada em simples ou complexa. A interação é simples quando resulta apenas da variabilidade genética dentro de um genótipo. Em contraste, é complexa quando não há uma correlação consistente entre as medidas do mesmo genótipo em diferentes ambientes. A interação complexa indica variação na superioridade do genótipo em função das mudanças ambientais, dificultando a recomendação de uma cultivar ou de um híbrido ou mesmo de uma linhagem com ampla adaptabilidade para uso em cruzamentos.

A interação genótipo \times ambiente é causada por fatores previsíveis e imprevisíveis. Os fatores previsíveis incluem características como fotoperíodo, fertilidade do solo, época de semeadura e manejo de culturas. Por outro lado, os fatores imprevisíveis englobam variações aleatórias, como distribuição de precipitação, umidade relativa do ar, temperatura atmosférica e do solo, além de pragas e doenças (BASTOS *et al.*, 2007).

Embora os estudos sobre a interação genótipos \times ambientes sejam fundamentais para o melhoramento, eles não fornecem detalhes completos sobre o desempenho de cada genótipo em resposta às variações ambientais (CRUZ *et al.*, 2014). A maneira de reduzir os efeitos de interação entre o genótipo e ambiente é conhecer as

estimativas de adaptabilidade e estabilidade dos genótipos em diversos ambientes. Esses estudos buscam identificar genótipos que tenham ampla ou específica adaptabilidade, bem como aqueles com desempenho previsível.

A adaptabilidade consiste na capacidade dos genótipos de tirar proveito das condições ambientais favoráveis, enquanto a estabilidade refere-se à habilidade dos genótipos de apresentar respostas previsíveis em relação às variações do ambiente (CRUZ *et al.*, 2012). Alguns métodos, permitem identificar cultivares com comportamento previsível e responsivo às variações ambientais, seja em condições específicas ou amplas (CRUZ *et al.*, 2012).

Atualmente, existem várias metodologias para a análise de adaptabilidade, destinadas à avaliação de um grupo de genótipos em diversos ambientes. Essas metodologias são baseadas na existência de interações e diferem pelos conceitos de estabilidade adotados e pelos princípios estatísticos utilizados. A escolha do método apropriado depende dos dados experimentais disponíveis, do número de ambientes testados, da precisão necessária e do tipo de informação desejada (CRUZ *et al.*, 2012; ROSA *et al.*, 2017). Dentre os métodos descritos para avaliar a estabilidade e adaptabilidade, inclui análise de variância, regressão linear, regressão não linear, análise multivariada e estatística não paramétrica (BASTOS *et al.*, 2007; AMARAL; MÔRO, 2017). Existem vários métodos desenvolvidos para a caracterização de genótipos quanto à adaptabilidade e estabilidade, como os de Finlay; Wilkinson (1963), Wricke (1965), Eberhart; Russell (1966), Lin; Binns (1988), Cruz; Torres; Venkovsky, (1989), Annicchiarico (1992), Schmildt *et al.*, (2011), que têm como fundamento a interação genótipos \times ambientes, que se distinguem nos conceitos de estabilidade adotados e em certos princípios estatísticos empregados.

Desde a década de 60 a interação genótipo \times ambiente tem sido estudada em várias culturas, incluindo o tomateiro (WILLIAMS; GILBERT, 1960; GULL *et al.*, 1984; CONTI *et al.*, 1990; ORTIZ 1991; POYSA *et al.*, 1986; BERRY *et al.*, 1988; ORTIZ; IZQUIERDO 1994; VOICAN *et al.*, 1995; PEIXOTO *et al.*, 1999) sobre interação genótipos \times ambientes. Assim sendo, objetivou-se avaliar a adaptabilidade e estabilidade de linhagens de tomateiro, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento por meio de quatro modelos matemáticos.

5.4 MATERIAL E MÉTODOS

5.4.1 Local do experimento

O experimento de campo foi conduzido no ano de 2020, na Fazenda Escola da Universidade Estadual de Londrina, FAZESC, sob as coordenadas 23°22'16" de latitude Sul e 51°10'00" de longitude Oeste. Segundo a classificação climática de Köppen, o clima da região é do tipo subtropical úmido (Cfa), com chuvas em todas as estações e verão quente. O solo da região é classificado como latossolo vermelho eutroférico (EMBRAPA, 2018).

Durante o ensaio de campo as temperaturas máximas variaram de 25 °C no mês de junho a 33 °C no mês de outubro (Figura 9). A temperatura mínima variou de 12 °C no mês de julho a 20 °C no mês de dezembro. A umidade relativa do ar foi maior no mês junho (80%) e mais baixa em novembro (58%). A colheita iniciou-se no mês de agosto, quando as temperaturas estavam mais amenas se estendendo até no mês de novembro, quando as temperaturas estavam mais altas. Durante a colheita observou-se a partir da figura abaixo que as temperaturas aumentaram gradativamente a partir do início até o final da colheita. A umidade relativa do ar no período de colheita foi baixa variando de 73% no mês de agosto a 58% no mês de novembro.

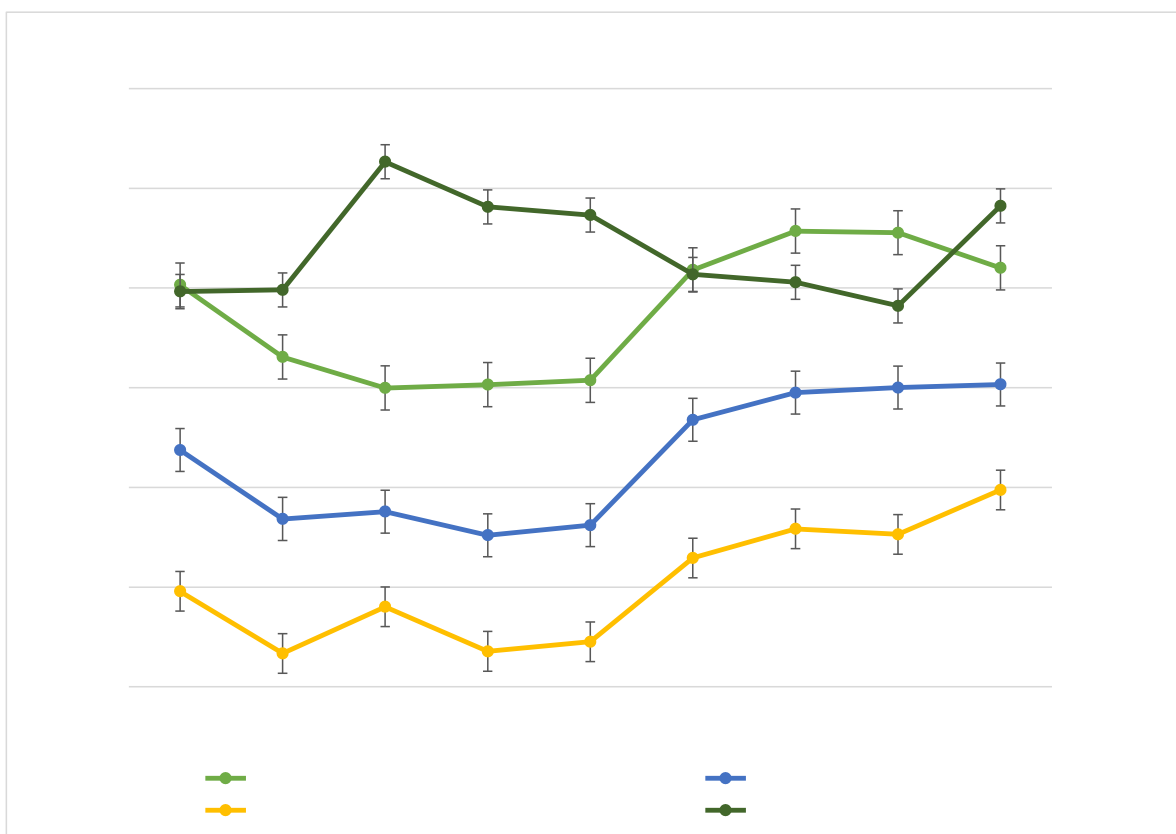


Figura 9 – Informações climáticas do período de realização do ensaio de avaliação de estabilidade e adaptabilidade temporal de linhagens isogênicas de tomateiro, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento.

Fonte: Atlas climático – IAPAR, IDR (2020).

5.4.2 Obtenção e caracterização do material experimental

Foram utilizadas 32 linhagens homocigotas para os alelos *rin*, *nor^d* e *og^c*, com background para tomate do tipo salada. Essas linhagens diferem entre si quanto à constituição genética, relacionadas aos alelos mutantes de amadurecimento (longa vida) e de genes de síntese de licopeno (Tabela 9).

As linhagens foram provenientes do programa de melhoramento genético de tomateiro do Professor Wilson Roberto Maluf, da Universidade Federal de Lavras, Minas Gerais (Brasil).

Tabela 9 – Linhagens utilizadas no ensaio para estudos de adaptabilidade e estabilidade e suas constituições genótípicas baseadas nos alelos mutantes de amadurecimento e síntese de licopeno.

Genótipos	Descrição		
Tratamento/Linhagem	Background genético (mutantes)		
BPX-477C-26-02-03	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-26-02-04	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-26-02-14	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-17-02	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-17-14	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-26-01	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-26-04	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-26-05	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-40-14-02	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-40-14-08	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-40-14-10	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-01-02	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-01-05	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-01-08	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor⁺/nor⁺</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-07-01	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-07-02	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-09-02	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-09-03	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-09-04	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^d/nor^d</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>

BPX-477C-25-07-15	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-34-08-16	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin⁺/rin⁺</i>
BPX-477C-25-16-11	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-16-12	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-16-13	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-04	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-06	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-07	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-26-15	<i>og^{c+}/og^{c+}</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-25-09	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-27-15	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-05-04	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>
BPX-477C-25-05-15	<i>og^c/og^c</i>	<i>nor^A/nor^A</i>	<i>rin/rin</i>

Legenda: *old gold crimson* = *og^c*, *alcobaça* = *nor^A*, *ripening inhibitor* = *rin*. Os alelos *og^{c+}*, *nor⁺* e *rin⁺* indicam os alelos dominantes (condicionadores de fenótipos normais) no loco respectivo.

Fonte: Autora (2020).

5.4.3 Condução e delineamento experimental

Os genótipos foram semeados no dia 19/05/2020, utilizando-se caixas de polipropileno preenchidas com substrato comercial Carolina Soil[®]. Após 15 dias, as plântulas foram repicadas para bandejas de poliestireno expandido de 128 células, para produção de mudas de torrão. As bandejas foram mantidas em casa de vegetação com temperatura média de 25 °C e umidade relativa do ar em torno de 80%. As bandejas foram irrigadas diariamente com auxílio de micro aspersores, mantendo o substrato úmido.

O manejo fitossanitário foi realizado conforme recomendações para a cultura do tomateiro, aplicando para controle de septoriose nas mudas mancozeb e iprodiona. Aos 25 dias após o semeio, realizou-se aplicação de fertilizante, via foliar a base de sais solúveis Yogen[®] N2, na dose comercial de 1,0 kg ha⁻¹.

O transplante das mudas foi realizado no dia 24/06/2020. O experimento foi conduzido em estufa agrícola localizada na Fazenda Escola da UEL. O delineamento utilizado foi de blocos casualizados, constituído por 32 tratamentos (Tabela 9) e 14 repetições. As parcelas experimentais foram compostas por fileiras duplas com 20 plantas, sendo os materiais transplantados com espaçamento de 0,5 m entre plantas e 1,0 m entre fileiras.

Foi adotado o sistema de cultivo em solo, utilizando-se três canteiros

cobertos com mulching dupla face, com espessura de 25 μm , com 1,20 m de largura e 50 m de comprimento, totalizando 180 m^2 de área. O solo da área foi previamente lavrado com enxada rotativa, e os canteiros foram preparados manualmente, com auxílio de enxadas.

A adubação de base foi realizada mediante análise química de solo. Foi aplicado 800 kg ha^{-1} de superfosfato simples, 700 kg ha^{-1} de Yoorin® e 500 kg ha^{-1} do formulado 04-30-04, 20 dias antes do transplante das mudas. O manejo das plantas daninhas entre os canteiros foi realizado de forma manual com o uso de enxada.

Na estufa foram instalados tela com sombreamento de 35%, tela antiafídica, e os palanques com extirantes e arames, para tutoramento vertical das plantas. Para irrigação foi utilizado tubos gotejadores com orifícios espaçados em 0,25 m e pulsos 4 vezes ao dia de 5 minutos. As plantas foram conduzidas com duas hastes principais, presas a fitilhos e tutoradas nos arames de sustentação. Fertirrigações foram realizadas semanalmente com pulso de 3 minutos.

Os tratos culturais foram feitos semanalmente ou quinzenalmente, conforme o desenvolvimento da cultura. Os amarrios iniciaram quando as plantas começaram a pender, juntamente com as desbrotas. Quando necessário foi realizada a toailete por meio da retirada de folhas velhas, visando a diminuição do ataque de traça do tomateiro (*Tuta absoluta*) e mosca branca (*Bemisia tabaci*) e outras enfermidades que acometem o tomateiro. Após as desbrotas, foram realizadas aplicações de calda bordalesa denominada Borda fértil® na dose de 300 g 100 L^{-1} de água.

5.4.4 Variáveis analisadas

Para estimativas de adaptabilidade e estabilidade temporal utilizou-se dados de produção de frutos relativos a cada colheita. Para melhor utilização dos dados as colheitas foram realizadas a cada 10 dias, totalizando 11 colheitas ao longo do experimento. Para as estimativas de adaptabilidade e estabilidade temporal das linhagens, cada colheita foi considerada como um ambiente. Foram descartados frutos com injúrias e/ou defeitos, que não apresentavam padrão comercial. As colheitas iniciaram em 20 de agosto de 2020 e finalizando em 27 de novembro de 2020.

A produção foi calculada com base no somatório do peso total de todos os frutos colhidos em cada tratamento, por parcela, durante as onze colheitas, no período de produção de cada planta/linhagem. Os resultados foram extrapolados para toneladas por hectare.

5.4.5 Análise de dados

Análises de variância foram realizadas, considerando-se o modelo fixo e quando a fonte de variação foi significativa, as médias foram agrupadas pelo teste de Scott-Knott a 5% de probabilidade por meio do software SASM Agri (CANTERI *et al.*, 2001). Para análise conjunta, considerou-se a homogeneidade das variâncias por meio dos quadrados médios (QM's) dos resíduos em que se considera a razão entre o maior e o menor quadrado médio (QM) dos resíduos, cujo resultado deve ser menor que sete para que as variâncias sejam consideradas homogêneas (BANZATTO; KRONKA, 2006).

A partir dos dados de produção de frutos das 32 linhagens de tomateiro, portadoras de genes mutantes de amadurecimento foram avaliadas a adaptabilidade e estabilidade dos genótipos utilizando quatro modelos matemáticos, que foram propostos pelos seguintes autores: Wricke (1965), Eberhart; Russell (1966), Cruz; Torres; Venkovsky (1989) e Schmidt *et al.* (2011).

5.4.5.1 Modelo matemático de Wricke (1965)

O parâmetro de estabilidade proposto por Wricke (1965) é denominado “ecoalência” e é estimado pela decomposição da soma dos quadrados da interação genótipos × ambientes nas partes devidas a genótipos isolados. A partição é realizada usando-se o modelo estatístico ω_i , dado por:

$$\omega_i = r \sum_{j=1}^a \hat{GA}_{ij}^2 = r \sum_{j=1}^a (Y_{ij} - \bar{Y}_i - \bar{Y}_j + \bar{Y}_{..})^2$$

Em que:

Y_{ij} : Média do genótipo i no ambiente j ;

Y_i : Média do genótipo i ;

Y_j : Média do ambiente j ; e

Y : Média geral.

A metodologia proposta por Wricke (1965) estima o quanto cada linhagem contribui para a interação genótipo × ambiente (colheitas), em que, quanto menor for a estimativa de ω_i , mais estável será a linhagem.

5.4.5.2 Modelo matemático de Eberhart; Russel (1966)

O método proposto por Eberhart; Russell (1966) é expandido do modelo de Finlay e Wilkinson (1963), que desenvolveram uma metodologia para avaliar o desempenho genotípico com base em processos de regressão. Eberhart; Russell (1966) consideraram os coeficientes de regressão dos valores fenotípicos de cada genótipo, tanto em relação ao índice ambiental, quanto aos desvios da regressão. Esses ajustes permitem estimar parâmetros de estabilidade e adaptabilidade (CRUZ; REGAZZI, 1997).

A metodologia descrita por Eberhart; Russell (1966) baseia-se em análise de regressão linear simples, na qual o índice ambiental (representando o efeito do ambiente/efeito de época de colheita) é a variável independente, e a produtividade média de cada genótipo em cada ambiente é a variável dependente. Os parâmetros de adaptabilidade e estabilidade são, respectivamente, o coeficiente de regressão dos fenótipos em relação aos ambientes e a variância dos desvios dessa regressão (CRUZ *et al.*, 2014).

Assim, um genótipo ideal é aquele que combina alta produtividade com alta estabilidade, demonstrando baixa sensibilidade a condições adversas e capacidade de responder de forma satisfatória a melhorias do ambiente. Em termos práticos, isso significa que o genótipo deve apresentar um coeficiente de regressão próximo a 1.0 e desvio da regressão menor possível. Esse método é aplicável quando os genótipos são avaliados em número suficiente de ambientes, garantindo comparações estatísticas robustas (CRUZ *et al.*, 2014).

Esta metodologia, adota o modelo de regressão linear: $\bar{Y}_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}I_j + \delta_{ij} + \epsilon_{ij}$

onde \bar{Y}_{ij} Para cada genótipo é feita a análise de regressão, utilizando-se o índice ambiental como variável independente e as características avaliadas como variáveis dependentes. Nesta metodologia, os parâmetros que expressam a estabilidade e a adaptabilidade são a média, a resposta linear, a variação ambiental e o desvio da regressão de cada genótipo avaliado, em que:

\bar{Y}_{ij} = é a média do genótipo i, no ambiente j;

β_{0i} = é a média geral do genótipo i-ésimo genótipo em todos os ambientes;

β_{1i} = é o coeficiente da regressão linear, que mede a resposta do i-ésimo genótipo à variação do ambiente;

I_j = é o índice ambiental fornecido pela diferença entre a média do j-ésimo ambiente e a média geral de todos os genótipos em todos os ambientes;

δ_{ij} = é o desvio da regressão linear do i-ésimo genótipo no j-ésimo ambiente; e

ϵ_{ij} = é o erro experimental médio.

Portanto, a adaptabilidade ou responsividade de um genótipo refere-se à sua capacidade de aproveitar os estímulos ambientais a seu favor. Conforme Eberhart; Russell (1966), a adaptabilidade é avaliada pelo coeficiente de regressão (β_{ii}) dos valores fenotípicos de cada genótipo em relação ao índice ambiental. Os genótipos são classificados como tendo adaptabilidade ampla ou geral se β_{ii} for igual a 1.0, indicando desempenho consistente em diferentes ambientes. A adaptabilidade específica a ambientes favoráveis é indicada por β_{ii} maior que 1.0, enquanto a adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis é indicada por β_{ii} menor que 1.0. Essa classificação auxilia a identificar bons genótipos que apresentam desempenho sob várias condições ambientais.

A adaptabilidade e a estabilidade fenotípica podem ser estimadas também pelos seguintes parâmetros:

- Média geral dos genótipos;
- Quadrado médio dos desvios da regressão linear (QML): $QML = SQL/GL$ sendo, SQL: a soma do quadrado linear e GL: o grau de liberdade;
- Coeficiente de regressão linear (β):

$$\hat{\beta}_i = \frac{\sum_j Y_{ij} I_j}{\sum_j I_j^2} = \frac{S_1}{U} \quad \text{já que} \quad \sum_j I_j = 0$$

Sendo:

Y_{ij} : é a média do genótipo i no ambiente j ;

I_j : é o índice ambiental.

- Variância dos desvios da regressão:

$$\sigma_{di}^2 = \left(\frac{\sigma^2}{b} + \sigma_{di}^2 \right) - \left(\frac{1}{b} \sigma^2 \right)$$

Sendo:

$\left(\frac{\sigma^2}{b} + \sigma_{di}^2 \right)$: é o quadrado médio do desvio;

$\left(\frac{1}{b} \sigma^2 \right)$ é o quadrado médio do resíduo;

- Coeficiente de determinação (R^2): o coeficiente de correlação (r_i) elevado ao quadrado, obtendo, $R^2 = (r_i)^2$

Sendo:

Y_{ij} : é a média do genótipo i no ambiente j ;

I_j : é o índice ambiental;

SQL: é a soma do quadrado linear;

g_i : é o valor de cada genótipo no ambiente.

A estabilidade de um genótipo refere-se à sua capacidade de apresentar um desempenho previsível diante de variações ambientais. Eberhart; Russell (1966) avaliaram essa estabilidade analisando o componente de variância associado aos desvios da regressão (σ^2_{di}). Genótipos com alta estabilidade têm um índice próximo de 0, indicando pouca variação no desempenho em diferentes ambientes. Em contraste, genótipos com baixa estabilidade apresentam (σ^2_{di}) maior que 0, o que sugere maior variabilidade no desempenho. Essa medida é útil para identificar genótipos que oferecem um desempenho mais confiável em diversas condições ambientais. Para auxiliar na interpretação da estabilidade, pode-se utilizar o coeficiente de determinação (R^2), que reflete o percentual de qualidade do ajuste ao modelo (CRUZ *et al.*, 2021). Valores altos de (R^2) indicam um bom ajuste dos dados ao modelo proposto e são úteis para fundamentar recomendações.

Ambas as metodologias de análise de adaptabilidade e estabilidade, que se baseiam em regressão linear simples, têm sido amplamente utilizadas. No entanto, os conceitos mais facilmente compreendidos adotados são que a adaptabilidade se refere à capacidade de os genótipos aproveitarem de forma vantajosa os estímulos ambientais classificando-se em: genótipos com adaptabilidade geral ou ampla: são aqueles com β_1 igual a 1,0; genótipos com adaptabilidade específica a ambientes favoráveis: são aqueles com β_1 maior que 1,0; e genótipos com adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis: são aqueles com β_1 menor que 1,0.

Já a estabilidade é a capacidade comportamental previsível em função dos estímulos ambientais que os genótipos detêm, sendo avaliada pelo componente de variância atribuído aos desvios de regressão, sendo verificados como os genótipos com estabilidade ou previsibilidade alta: são aqueles com (σ^2_{di}) igual a zero; e genótipos com estabilidade ou previsibilidade baixa: são aqueles com (σ^2_{di}) maior que zero.

5.4.5.3 Modelo matemático de Cruz; Torres; Venkovsky, 1989

Cruz; Torres; Venkovsky (1989), expandiram a metodologia de Silva e Barreto (1985), aprimorando-a para torná-la operacionalmente mais simples e com propriedades estatísticas mais adequadas para os objetivos do melhoramento genético.

O método de Cruz; Torres; Venkovsky (1989), baseia-se na análise de regressão bissegmentada linear e tem, como parâmetros de adaptabilidade, a média (β_{0i}) e a resposta linear aos ambientes desfavoráveis (β_{1i}) e aos ambientes favoráveis ($\beta_{1i} + \beta_{2i}$), que

seguem o modelo $Y_{ij} = \beta_{oi} + \beta_{ii}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \varepsilon_{ij}$. A estabilidade dos genótipos é avaliada pelo desvio da regressão (σ^2_{di}) de cada cultivar, em função das variações ambientais. Um genótipo desejável, por essa metodologia, é aquele que apresenta alta média de produção, baixo (β_{1i}) valores inferiores a 1,0, sendo ($\beta_{1i} + \beta_{2i}$) maior que 1,0 e (σ^2_{di}) próximos a zero.

5.4.5.4 Modelo matemático de Schmildt *et al.*, (2011), adaptado de Annicchiarico (1992)

O método não paramétrico de Annicchiarico (1992) é conhecido por sua fácil interpretação e por ser aplicável mesmo com um número reduzido de ambientes avaliados (CRUZ *et al.*, 2006). A metodologia proposta por Annicchiarico (1992) é amplamente utilizada para converter as médias de rendimento de cada cultivar em porcentagens da média do ambiente, o que simplifica a avaliação do desempenho dos genótipos. Ao transformar essas médias e calcular o desvio padrão e a média, a metodologia proporciona uma avaliação mais precisa, auxiliando na seleção dos melhores genótipos (ANNICCHIARICO, 1992).

É útil para estimar o risco associado à adoção de um determinado genótipo e é intuitivo na interpretação dos resultados, pois, ao determinar um único parâmetro, abrange os conceitos de adaptabilidade e estabilidade (SCHMILDT *et al.*, 2011).

A metodologia proposta por Schmildt *et al.* (2011) apresenta várias vantagens ao valorizar os desvios entre ambientes, considerando o número de ambientes analisados. O método oferece um nível mais alto de confiança, resultando em uma redução do erro tipo I. Quando o número de ambientes comparados é igual a seis, os resultados numéricos do índice de confiança da nova metodologia são equivalentes aos obtidos pelo método modificado de Annicchiarico (1992) (SCHMILDT; CRUZ, 2005).

A partir dos resultados médios, utilizou-se o programa GENES – aplicativo Computacional em Genética e Estatística (CRUZ, 2013) para estimar parâmetros de estabilidade, utilizando-se o procedimento de Annicchiarico (1992), modificado por Schmildt *et al.* (2011). Para tanto, estimou-se a percentagem (Y_i) de cada genótipo em relação à média dos ambientes. Posteriormente, estimou-se o erro-padrão da média (σ_i/\sqrt{n}) de cada genótipo. A partir desses dados, estimou-se o índice de confiança (I_i) por meio da seguinte equação: $I_i = Y_i - Z(1 - \alpha)(\sigma_i/\sqrt{n})$. Em que: I_i : índice de confiança (%); Y_i : média geral do genótipo i em porcentagem; Z : percentil $(1 - \alpha)$ da função de distribuição normal acumulada; α : nível de significância; σ_i/\sqrt{n} : erro-padrão dos valores percentuais. Após análise da adaptabilidade e estabilidade pelos quatro métodos citados acima, os resultados das estatísticas foram

analisados pela correlação classificatória de Spearman.

5.5 RESULTADOS

A estabilidade de produção de variedades cultivadas tem sido definida sob diferentes formas. Usualmente uma variedade é considerada estável se apresenta apenas pequenas variações no seu comportamento geral, quando desenvolvida sob condições ambientais diversas. Segundo este conceito não se considera importante a potencialidade de ambientes em proporcionar altas ou baixas produções, isto é, a variedade estável tem mais ou menos a mesma produção, quer os ambientes sejam favoráveis ou desfavoráveis.

Efeitos significativos para colheitas, linhagens, interação linhagens \times época de colheita e desvios combinados foram obtidos em nossa pesquisa. Efeitos significativos para ambiente linear indicam presença de variações, significativas, nos ambientes para proporcionar alterações nas médias de rendimento produtivo das linhagens avaliadas e, para desvios combinados das regressões. No entanto, a regressão linear explicou mais que 80% para a maioria dos dados, garantindo tomadas de decisão e conclusões sobre o desempenho das linhagens.

Em nossa pesquisa, considerando os dados de produtividade, os índices de estabilidade das linhagens pelo método de Wricke (1965), variaram de 20.932 (BPX-477C-26-02-03) a 331.880 (BPX-477C-25-09-04) sendo que, a linhagem BPX-477C-26-02-03 de menor valor de σ^2 foi a que apresentou maior estabilidade e a BPX-477C-25-09-04 de maior valor de σ^2 foi a mais instável (Tabela 10). As linhagens de tomateiro com maior estabilidade temporal foram BPX-477C-25-17-02 ($\sigma^2=34.092$), BPX-477C-25-01-08 ($\sigma^2=47.412$), BPX-477C-25-16-12 ($\sigma^2=46.945$), BPX-477C-25-26-06 ($\sigma^2=42.731$) e ($\sigma^2=20.932$).

Esse método indica quais linhagens possuem menores desvios em relação aos períodos de colheita. É uma medida apropriada para expressar a imprevisibilidade do material genético avaliado. Quanto mais baixo o valor de σ^2 , menor é a interação do genótipo com o ambiente, devendo esse, com base no caractere produtividade, ser passível de seleção e utilização como genitor em cruzamentos para obtenção de híbridos, se for o caso. A sua pequena contribuição para a interação é a representação de sua capacidade de responder à melhoria do ambiente sem ser afetado pelas condições ambientais adversas.

Tabela 10 – Estimativas das ecovalências dos parâmetros de estabilidade (σ^2) de acordo com o método de estabilidade proposto por Wricke (1965), referente ao rendimento produtivo de frutos de 32 linhagens de tomateiro em 11 épocas de colheita.

Genótipos	Wricke (1965)	
	i	i (%)
BPX-477C-25-25-09	74.927	1,6247
BPX-477C-25-27-15	212.658	4,6113
BPX-477C-25-05-04	236.606	5,1306
BPX-477C-25-05-15	180.570	3,9155
BPX-477C-25-17-02	34.092	0,7393
BPX-477C-25-17-14	143.646	3,1149
BPX-477C-34-26-01	156.195	3,3870
BPX-477C-34-26-04	312.819	6,7833
BPX-477C-34-26-05	264.635	5,7384
BPX-477C-40-14-02	85.005	1,8433
BPX-477C-40-14-08	143.777	3,1177
BPX-477C-40-14-10	231.885	5,0283
BPX-477C-25-07-01	111.279	2,4130
BPX-477C-25-07-02	83.178	1,8036
BPX-477C-25-09-02	107.679	2,3349
BPX-477C-25-09-03	63.870	1,3850
BPX-477C-25-09-04	331.880	7,1966
BPX-477C-25-07-15	212.823	4,6149
BPX-477C-34-08-16	169.511	3,6757
BPX-477C-25-01-02	289.501	6,2776
BPX-477C-25-01-05	110.177	2,3891
BPX-477C-25-01-08	47.412	1,0281
BPX-477C-25-16-11	70.232	1,5229
BPX-477C-25-16-12	46.945	1,0180
BPX-477C-25-16-13	113.911	2,4701
BPX-477C-25-26-04	81.431	1,7658
BPX-477C-25-26-06	42.731	0,9266
BPX-477C-25-26-07	165.506	3,5889
BPX-477C-25-26-15	255.382	5,5378
BPX-477C-26-02-03	20.932	0,4539
BPX-477C-26-02-04	75.995	1,6479
BPX-477C-26-02-14	134.450	2,9155

Total	4.611.639	100,00
-------	-----------	--------

Fonte: Autora (2024).

A estabilidade das linhagens de tomateiro baseada no método de Eberhart; Russell (1966), considera para análise, o componente de variância associado aos desvios da regressão (σ^2_{di}). Neste trabalho o coeficiente de regressão (β_{ii}) variou de 0.4 a 1.5 para as linhagens de tomateiro BPX-477C-25-16-13 e BPX-477C-25-26-15, respectivamente (Tabela 11). Quanto mais próximo de zero for o índice, maior é a estabilidade e menor a variação de desempenho nas diferentes épocas de colheita. Esse resultado é útil para identificar linhagens promissoras que proporcionam maior consistência e confiabilidade no desempenho produtivo, ao longo do ciclo de cultivo.

Para Eberhart; Russell (1966), para melhor confiabilidade, a adaptabilidade deve ser avaliada pelo coeficiente de regressão (β_{ii}) dos valores fenotípicos de cada genótipo em relação ao índice ambiental. Os genótipos são classificados como de adaptabilidade ampla ou geral se β_{ii} for igual a 1.0, indicando desempenho consistente em diferentes ambientes; adaptabilidade específica a ambientes favoráveis que é indicada por β_{ii} maior que 1.0; e, adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis que é indicada por β_{ii} menor do que 1.0.

Assim, a partir do rendimento produtivo das 32 linhagens em 11 épocas de colheita, analisadas pelo modelo matemático de Eberhart; Russell (1966), 29 apresentaram adaptabilidade ampla geral ($\beta_{ii}=1.0$), indicando desempenho produtivo consistente em todos os períodos de colheita. Duas linhagens (BPX-477C-26-02-03 e BPX-477C-25-16-12) apresentaram significância para $\beta_{ii}<1.0$, pelo teste de *t* a 5% de probabilidade, consideradas, portanto, de adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis. Apenas a linhagem BPX-477C-25-26-04 apresentou $\beta_{ii} >1.0$, portanto, com adaptabilidade específica para ambientes favoráveis.

Entre as linhagens classificadas com adaptabilidade ampla ($\beta_{ii}=1.0$), três produziram acima de 80 toneladas de frutos por hectare (BPX-477C-34-08-16, BPX-477C-25-07-02 e BPX-477C-25-05-04), portanto, bastante promissoras. Essas linhagens têm características em seu background que proporcionam consistência na produção de frutos durante todo o ciclo do tomateiro, sem que haja influência significativa do ambiente sobre o genótipo.

As linhagens BPX-477C-26-02-03 (86,71 t ha⁻¹) e BPX-477C-25-16-12), BPX-477C-25-16-13 (65,67 t ha⁻¹) demonstraram maior estabilidade em períodos de colheita

desfavoráveis, com bom desempenho durante o início e final do ciclo produtivo do tomateiro (Tabela 11). Ao considerar apenas os ambientes favoráveis, entre a terceira e oitava colheitas (Tabela 11), a única linhagem com estabilidade foi BPX-477C-25-26-04, porém, com rendimento produtivo relativamente baixo (50,18 t ha⁻¹). Genótipos $\beta_{ii} > 1.0$ utilizam das características favoráveis do ambiente para aumentas a produção de frutos, porém essa condição não ficou evidente para a linhagem em nosso trabalho.

Para auxiliar na interpretação da estabilidade, pode-se utilizar o coeficiente de determinação (R^2), que reflete o percentual de qualidade do ajuste ao modelo (CRUZ *et al.*, 2021). Valores altos de (R^2) indicam bom ajuste dos dados ao modelo proposto e são úteis para fundamentar recomendações. Entre as linhagens classificadas pelo modelo matemático de Eberhart; Russell (1966) como de ampla adaptabilidade, 11 obtiveram valores de R^2 estimados com ajustes para equação linear acima de 80%. No ambiente favorável ao desempenho da linhagem BPX-477C-25-26-04, a qualidade de ajuste ao modelo (R^2) foi de 81,67%, porém, sem apresentar coerência com a produtividade de frutos (β_{0i}). No ambiente desfavorável, as duas linhagens de maior estabilidade (BPX-477C-26-02-03 e BPX-477C-25-16-12) apresentaram ajuste da equação acima de 80%, demonstrando compatibilidade entre o R^2 e o rendimento produtivo.

Tabela 11 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade de acordo com a metodologia proposta por Eberhart; Russell (1966) referente ao rendimento produtivo de 32 linhagens de tomateiro em 11 épocas de colheitas pelo modelo ($\bar{Y}_{ij} = \beta_{0i} + \beta_{1i}j + \delta_{ij}$).

Genótipos	Eberhart e Russell (1966)				
	Média (β_{0i})	β_{1i}	σ^2_{di}	Ambient e	R^2 (%)
BPX-477C-25-25-09	46,87	0,8 ^{ns}	ns	C	69,07
BPX-477C-25-27-15	78,35	1,0 ^{ns}	ns	C	82,10
BPX-477C-25-05-04	119,99	0,9 ^{ns}	*	C	86,50
BPX-477C-25-05-15	79,70	1,3 ^{ns}	ns	C	70,17
BPX-477C-25-17-02	34,35	1,1 ^{ns}	ns	C	90,12
BPX-477C-25-17-14	36,56	0,7 ^{ns}	ns	C	47,42
BPX-477C-34-26-01	28,60	0,8 ^{ns}	ns	C	51,12
BPX-477C-34-26-04	40,12	0,8 ^{ns}	**	C	33,86
BPX-477C-34-26-05	27,26	0,8 ^{ns}	*	C	35,37
BPX-477C-40-14-02	47,25	0,9 ^{ns}	ns	C	69,22
BPX-477C-40-14-08	52,28	1,4 ^{ns}	ns	C	81,86

BPX-477C-40-14-10	33,08	0,9 ^{ns}	ns	C	45,43
BPX-477C-25-07-01	52,06	1,1 ^{ns}	ns	C	72,92
BPX-477C-25-07-02	86,55	1,1 ^{ns}	ns	C	80,45
BPX-477C-25-09-02	44,34	1,4 ^{ns}	ns	C	85,35
BPX-477C-25-09-03	55,19	1,2 ^{ns}	ns	C	86,99
BPX-477C-25-09-04	54,75	1,1 ^{ns}	**	C	72,36
BPX-477C-25-07-15	74,33	0,8 ^{ns}	ns	C	73,07
BPX-477C-34-08-16	88,83	1,1 ^{ns}	ns	C	81,33
BPX-477C-25-01-02	25,86	1,4 ^{ns}	*	C	63,31
BPX-477C-25-01-05	31,91	1,1 ^{ns}	ns	C	70,53
BPX-477C-25-01-08	42,45	1,3 ^{ns}	ns	C	91,96
BPX-477C-25-16-11	57,26	0,6 ^{ns}	ns	C	75,64
BPX-477C-25-16-12	65,67	0,9*	ns	D	81,42
BPX-477C-25-16-13	78,86	0,4 ^{ns}	ns	C	72,63
BPX-477C-25-26-04	50,18	1,2*	ns	F	81,67
BPX-477C-25-26-06	46,11	0,9 ^{ns}	ns	C	81,99
BPX-477C-25-26-07	44,29	1,0 ^{ns}	ns	C	78,45
BPX-477C-25-26-15	28,54	1,5 ^{ns}	ns	C	73,90
BPX-477C-26-02-03	86,71	0,9*	ns	D	91,12
BPX-477C-26-02-04	79,87	1,2 ^{ns}	ns	C	84,69
BPX-477C-26-02-14	66,19	0,6 ^{ns}	ns	C	47,86
Total	1.784,36	32,00			2.116,88
Média	55,76	1			66,15
Variância	89,30	0,058			-

Legenda: ** Significativo a 1 e 5% de probabilidade; * Significativo apenas a 5% de probabilidade. D = Ambiente desfavorável; F = Ambiente favorável; C = Constância em todos os ambientes. **Fonte:** Autora (2024).

O método de Cruz; Torres; Venkovsky (1989), baseia-se na análise de regressão linear bissegmentada, sendo expresso da seguinte forma: $Y_{ij} = \beta_{oi} + \beta_{li}I_j + \beta_{2i}T(I_j) + \delta_{ij} + \bar{\epsilon}_{ij}$. Este método considera como cultivar ideal, aquela que tiver média alta (alto β_{oi}) adaptabilidade a ambientes desfavoráveis ($\beta_{li} < 1$), responsividade à melhoria ambiental ($\beta_{li} + \beta_{2i} > 1$ e desvio da regressão zero (não significativo). A estabilidade das cultivares é avaliada pelo desvio da regressão de cada cultivar, em função das variações ambientais.

O ambiente é classificado em favorável ou desfavorável por meio dos

valores da média geral de todos os experimentos em que, aquele com média maior que a média geral, constitui-se como ambiente favorável e aquele com média menor que a média geral é o desfavorável (Tabela 12). No entanto, classificar o ambiente em favorável ou desfavorável não é suficiente para a discriminação da estabilidade e adaptabilidade genotípica, ou seja, pode não refletir a existência de efeito ambiental.

A classificação quanto ao tipo de ambiente permite predizer de como os genótipos se comportarão frente a certas variações. Um mesmo genótipo em ensaios lado a lado, com mesmo manejo e cuidados para manter a uniformidade, certamente terão médias diferentes, de modo que, sempre haverá um deles como favorável e outro desfavorável.

Na nossa pesquisa, a classificação dos ambientes em favoráveis ou desfavoráveis esteve relacionada somente à época de colheita, portanto, devendo considerar os aspectos fenológicos da planta e a senescência, sem deixar de considerar o manejo cultural dada ao experimento e à ocorrência de fatores imprevisíveis (temperatura, precipitação, pragas e doenças).

O ambiente que proporcionou melhor rendimento produtivo foi evidenciado pela colheita que ocorreu entre 19/09/2020 e 29/09/2020 (Tabela 12). Cinco dos onze ambientes (épocas de colheita) foram classificados como desfavoráveis, em que, o índice ambiental apresentou valores negativos, enquanto, para as demais colheitas, os ambientes foram considerados favoráveis, com os índices ambientais positivos.

Tabela 12 – Média de produção de frutos de linhagens de tomateiro em ambientes (épocas de colheita), índice ambiental (Aj) e tipo de ambiente relativos ao período de cultivo.

Colheitas/Ambiente	Média ambiente	Índice (Aj)	Índice T (Aj)	Tipo
1. 20/08/2020	23,45 c	- 49,85	-	Desfavorável
2. 30/08/2020	25,76 cd	- 24,76	-	Desfavorável
3. 09/09/2020	39,67 bc	11,12	- 20,15	Favorável
4. 19/09/2020	48,92 ab	30,56	- 0,71	Favorável
5. 29/09/2020	55,67 a	47,58	16,32	Favorável
6. 08/10/2020	62,88 a	45,62	14,36	Favorável
7. 18/10/2020	50,12 ab	34,92	3,66	Favorável
8. 28/10/2020	42,11 b	17,78	13,48	Favorável
9. 07/11/2020	29,78 c	- 1,51	-	Desfavorável
10. 17/11/2020	30,25 c	- 39,52	-	Desfavorável
11. 27/11/2020	26,54 cd	- 71,94	-	Desfavorável

Média dos ambientes favoráveis	49,89
Média dos ambientes desfavoráveis	27,13
Média geral dos ambientes	39,55

Médias seguidas de mesma letra não diferem pelo teste de Tukey ($p < 0,05$). **Fonte:** Autora (2024).

O índice ambiental (A_j) empregado pelo método é o mesmo utilizado por Eberhart; Russell (1966), podendo ser alternativamente predeterminado em substituição ao índice I_j . Para cada linhagem, no caso desse ensaio foi ajustada uma equação de regressão constituída de dois segmentos de reta unidas no ponto correspondente ao valor zero do índice ambiental.

O modelo matemático proposto por Cruz; Torres; Venkovsky (1989), para discriminação de genótipos quanto a estabilidade e adaptabilidade em diferentes ambientes, identificou dentre as 32 linhagens de tomateiro avaliadas, duas (BPX-477C-25-16-11 e BPX-477C-25-16-13) que podem ser consideradas estáveis em ambiente desfavorável ($\beta_{ii} < 1.0$) (Tabela 13). Das duas linhagens apenas a BPX-477C-25-16-13 atendeu os pressupostos estatísticos relativos à média geral alta para produtividade de frutos (β_{0i}), desempenho em ambientes desfavoráveis ($\beta_{ii} < 1.0$) e qualidade de ajuste da equação de regressão linear ($R^2=81,34$). A linhagem BPX-477C-25-16-11 atendeu o pressuposto de significância para ambientes desfavoráveis ($\beta_{ii} < 1.0$) e qualidade de ajuste da equação ($R^2=87,58$), no entanto, a média de rendimento produtivo de frutos por hectare β_{0i} foi relativamente baixa ($57,26 \text{ t ha}^{-1}$).

As linhagens BPX-477C-25-26-15 e BPX-477C-40-14-08 foram significativamente instáveis em ambientes desfavoráveis, em que, o coeficiente de variância ambiental (β_{ii}) foi maior que 1.0. Além disso, a média geral de produtividade foi coerente com a instabilidade, apresentando valores de $52,06 \text{ t ha}^{-1}$ e $28,53 \text{ t ha}^{-1}$, respectivamente.

Em ambiente favorável ($\beta_{1i} + \beta_{2i} > 1.0$) as linhagens BPX-477C-34-26-04, BPX-477C-25-07-15 e BPX-477C-34-08-16 foram classificadas significativamente pelo teste de t com elevada estabilidade (Tabela 13), ou seja, melhoram o desempenho explorando condições favoráveis do ambiente. No parâmetro produtividade (β_{0i}), as linhagens BPX-477C-25-07-15 e BPX-477C-34-08-16, atenderam o que preconiza o modelo estatístico de Cruz *et al.* (1989). No entanto, para essas mesmas linhagens o ajuste da equação de regressão (R^2) esteve abaixo de 80%.

As demais linhagens foram classificadas com adaptabilidade ampla geral ($\beta_{ii}=0$), ou seja, apresentam bom desempenho para o parâmetro produtividade nos diversos

ambientes. Das 25 linhagens com adaptabilidade ampla, cinco atenderam o pressuposto de alta média produtiva (β_0): BPX-477C-25-27-15, BPX-477C-25-05-04, BPX-477C-25-07-02, BPX-477C-26-02-03 e BPX-477C-26-02-04) em que, quatro delas (BPX-477C-25-05-04, BPX-477C-25-07-02, BPX-477C-26-02-03 e BPX-477C-26-02-04), apresentaram qualidade de ajuste da equação de regressão bissegmentada acima de 80%.

Considerando que o método de Cruz; Torres; Venkovsky (1989), preconiza como cultivar ideal, aquela que tiver média alta (alto β_{0i}), adaptabilidade a ambientes desfavoráveis ($\beta_{1i} < 1.0$), responsividade à melhoria ambiental ($\beta_{1i} + \beta_{2i} > 1.0$) e desvio da regressão zero (não significativo), nenhuma linhagem foi considerada ideal em nossa pesquisa.

É importante salientar que o grau de previsibilidade não deve comprometer a escolha das linhagens para uso na obtenção de híbridos, desde que a estimativa de R^2 esteja acima de 80%. Este parâmetro indica que houve bom ajuste dos dados à reta de regressão (Cruz; Torres; Venkovsky, 1989). Assim, entendemos que BPX-477C-25-05-04, BPX-477C-25-07-02, BPX-477C-26-02-03 e BPX-477C-26-02-04 são as melhores opções por apresentarem média alta de produtividade, adaptabilidade e estabilidade para ambientes favoráveis e desfavoráveis, além do indicativo de confiabilidade expressado por meio do ajuste da regressão com índices acima de 80%.

Tabela 13 – Parâmetros de adaptabilidade e estabilidade estimados pela metodologia proposta por Cruz; Torres; Venkovsky. (1989) para rendimento produtivo de 32 linhagens de tomateiro em 11 épocas de colheita. β_{0i} =média geral; β_{1i} =ambiente desfavorável; $\beta_{1i} + \beta_{2i}$ =ambiente favorável; QM= quadrado médio do desvio; R^2 = ajuste da equação linear.

Genótipo	Cruz; Torres; Venkovsky (1989)					R^2 (%)
	Média geral (β_0)	β_{1i}	β_{2i}	$\beta_{1i} + \beta_{2i}$	QM desvio	
			-0,06 ^{ns}			69,1
BPX-477C-25-25-09	46,87 g	0,77 ^{ns}		0,71 ^{ns}	7.83 ^{ns}	0
			-1,67 ^{ns}			59,4
BPX-477C-25-27-15	78,35 c	1,05 ^{ns}		-0,61 ^{ns}	21.57 ^{ns}	1
			-1,15 ^{ns}			80,7
BPX-477C-25-05-04	119,99 a	1,01 ^{ns}		-0,14 ^{ns}	27.09*	6
			-1,57 ^{ns}			76,5
BPX-477C-25-05-15	79,06 c	1,37 ^{ns}		-0,19 ^{ns}	15.97 ^{ns}	7
BPX-477C-25-17-02	34,35 h	1,13 ^{ns}	-0,52 ^{ns}	0,66 ^{ns}	3.44 ^{ns}	91,3

						4
			0,46 ^{ns}			48,7
BPX-477C-25-17-14	36,56 h	0,64 ^{ns}		1,11 ^{ns}	14.49 ^{ns}	6
			0,19 ^{ns}			51,3
BPX-477C-34-26-01	28,58 i	0,79 ^{ns}		1,09 ^{ns}	18.41 ^{ns}	0
			2,44**			52,1
BPX-477C-34-26-04	40,18 h	0,65 ^{ns}		3,10*	27.56*	4
			-1,30 ^{ns}			41,5
BPX-477C-34-26-05	27,20 i	0,84 ^{ns}		-0,45 ^{ns}	28.48*	1
			-0,90 ^{ns}			73,5
BPX-477C-40-14-02	47,24 g	0,94 ^{ns}		0,03 ^{ns}	8.79 ^{ns}	8
			-0,74 ^{ns}			83,2
BPX-477C-40-14-08	52,27 h	1,45*		0,71 ^{ns}	12.01 ^{ns}	1
			0,76 ^{ns}			47,3
BPX-477C-40-14-10	33,08 h	0,85 ^{ns}		1,61 ^{ns}	27.67 ^{ns}	9
			-0,85 ^{ns}			75,3
BPX-477C-25-07-01	52,06 f	1,16 ^{ns}		0,33 ^{ns}	12.30 ^{ns}	8
			0,90 ^{ns}			82,4
BPX-477C-25-07-02	86,55 b	1,08 ^{ns}		1,98 ^{ns}	8.38 ^{ns}	8
			1,27 ^{ns}			89,7
BPX-477C-25-09-02	44,34 g	1,28 ^{ns}		2,56 ^{ns}	6.60 ^{ns}	7
			-1,28 ^{ns}			92,7
BPX-477C-25-09-03	55,19 f	1,30 ^{ns}		0,02 ^{ns}	3.64 ^{ns}	5
			1,66 ^{ns}		36.62*	49,1
BPX-477C-25-09-04	54,75 f	0,91 ^{ns}		2,57 ^{ns}	*	1
			-2,45**			66,6
BPX-477C-25-07-15	74,33 d	0,96 ^{ns}		-1,48**	14.95 ^{ns}	9
			1,99*			74,1
BPX-477C-34-08-16	88,83 b	0,93 ^{ns}		2,93*	14.07 ^{ns}	6
			1,26 ^{ns}			66,5
BPX-477C-25-01-02	25,86 i	1,29 ^{ns}		2,55 ^{ns}	29.27*	3
			0,27 ^{ns}			70,8
BPX-477C-25-01-05	31,90 h	1,03 ^{ns}		1,31 ^{ns}	13.55 ^{ns}	1
BPX-477C-25-01-08	42,44 g	1,30 ^{ns}	-0,81 ^{ns}	0,49 ^{ns}	2.86 ^{ns}	94,2

						9
			0,89 ^{ns}			87,5
BPX-477C-25-16-11	57,26 f	0,49*		1,39 ^{ns}	1.46 ^{ns}	8
			0,23 ^{ns}			81,7
BPX-477C-25-16-12	65,67 e	0,90 ^{ns}		1,13 ^{ns}	5.59 ^{ns}	3
			-0,74 ^{ns}			81,3
BPX-477C-25-16-13	78,86 c	0,49*		-0,24 ^{ns}	4.35 ^{ns}	4
			-0,60 ^{ns}			82,9
BPX-477C-25-26-04	50,17 g	1,22 ^{ns}		0,61 ^{ns}	8.55 ^{ns}	6
			0,15 ^{ns}			82,1
BPX-477C-25-26-06	46,10 g	0,84 ^{ns}		1,04 ^{ns}	4.71 ^{ns}	6
			0,35 ^{ns}			58,9
BPX-477C-25-26-07	44,29 g	0,97 ^{ns}		1,33 ^{ns}	20.46 ^{ns}	0
			0,72 ^{ns}			74,9
BPX-477C-25-26-15	28,53 i	1,47*		2,19 ^{ns}	23.04 ^{ns}	0
			0,10 ^{ns}			91,1
BPX-477C-26-02-03	86,71 b	0,92 ^{ns}		1,02 ^{ns}	2.44 ^{ns}	8
			1,08 ^{ns}			88,6
BPX-477C-26-02-04	79,87 c	1,15 ^{ns}		2,24 ^{ns}	5.90 ^{ns}	8
			-0,10 ^{ns}			47,9
BPX-477C-26-02-14	66,19 e	0,64 ^{ns}		0,53 ^{ns}	12.87 ^{ns}	5

Médias seguidas de mesma letra não diferem pelo teste de Scott Knott ($p < 0,05$). Legenda: ** Significativo a 1% pelo teste de t . ^{ns} Não significativo. **Fonte:** Autora (2024).

A metodologia proposta por Schmildt *et al.* (2011) apresenta várias vantagens ao valorizar os desvios entre ambientes, considerando o número de ambientes analisados, além de ser de fácil interpretação.

Houve interação das linhagens com as épocas de colheita ($F_{\text{trat.} \times \text{época}} = 1,28^{**}$) para produção de frutos. Foram efetuadas análises de adaptabilidade e estabilidade, cujos dados estão apresentados na Tabela 14. Desta forma, pelo método de Annicchiarico (1992) modificado por Schmildt *et al.* (2011), pode-se afirmar, com 95% de confiança, que as linhagens BPX-477C-25-27-15 (0,2%), BPX-477C-25-05-04 (49,57%), BPX-477C-25-05-15 (18,45%), BPX-477C-40-14-02 (7,91%), BPX-477C-40-14-08 (13,25%), BPX-477C-25-07-02 (18,35%), BPX-477C-25-09-03 (4,24%), BPX-477C-25-07-15 (0,39%), BPX-477C-34-

08-16 (16,93%), BPX-477C-25-16-12 (12,05%), BPX-477C-25-16-13 (0,35%), BPX-477C-25-26-04 (21,81%), BPX-477C-26-02-03 (9,99%) e BPX-477C-26-02-04 (12,17%), serão superiores às médias das 11 épocas de colheita, com as respectivas % de incremento apresentadas entre parêntese (Tabela 14). Essas linhagens manifestaram adaptabilidade ampla para as épocas de colheita estudadas, sendo este um parâmetro desejado pelos programas de melhoramento que buscam obter genótipos com produtividades mais uniformes.

No ambiente favorável, obtivemos estimativas de índices de segurança para ambiente favorável (I_{if}) acima da média dos ambientes entre a terceira e oitava colheitas, em que, as linhagens BPX-477C-25-27-15 (2,63%), BPX-477C-25-05-04 (39,88%), BPX-477C-25-05-15 (17%), BPX-477C-40-14-02 (6,18%), BPX-477C-40-14-08 (19,73%), BPX-477C-25-07-02 (17,15%), BPX-477C-25-09-03 (11,55%), BPX-477C-34-08-16 (16,77%), BPX-477C-25-01-08 (2,51%) BPX-477C-25-16-12 (7,96%), BPX-477C-25-26-04 (23,52%), BPX-477C-26-02-03 (7,30%) e BPX-477C-26-02-04 (13,16%), foram consideradas de ampla estabilidade e adaptabilidade, utilizando a seu favor as condições do ambiente.

Em ambiente desfavorável, as linhagens com maior estabilidade e adaptabilidade para rendimento produtivo, com base nos índices de segurança foram BPX-477C-25-05-04 (69,79%), BPX-477C-25-05-15 (20,15%), BPX-477C-40-14-02 (9,50%), BPX-477C-40-14-08 (6,66%), BPX-477C-25-07-02 (19,30%), BPX-477C-25-07-15 (2,86%), BPX-477C-34-08-16 (18,10%), BPX-477C-25-16-11 (3,61%), BPX-477C-25-16-12 (17,73%), BPX-477C-25-16-13 (9,06%), BPX-477C-25-26-04 (19,30%), BPX-477C-26-02-03 (15,89%) e BPX-477C-26-02-04 (11,18%).

Das 32 linhagens avaliadas para produtividade durante 11 épocas de colheitas, pelo método de Schmildt *et al.* (2011) adaptado de Annicchiarico (1992), 14 foram classificadas como de ampla estabilidade e adaptabilidade, 13 com adaptabilidade e estabilidade específica para ambientes favoráveis e 13 para desfavoráveis, considerando as 11 colheitas. Onze linhagens foram ordenadas com adaptabilidade e estabilidade ampla geral e específica tanto para ambientes desfavoráveis quanto favoráveis. Esse resultado evidencia a qualidade genotípica das linhagens testadas, mostrando que a maioria delas possui constituição genotípica que minimiza variações fenotípicas causadas pelo ambiente e, ao mesmo tempo, se utilizam de efeitos do próprio ambiente para aumentar o rendimento produtivo.

Tabela 14 – Estimativas dos parâmetros de adaptabilidade e estabilidade temporal, conforme metodologia proposta por Schmildt *et al.* (2011), para a produtividade de 32 linhagens de tomateiro em 11 ambientes (colheitas agrupadas entre agosto e dezembro de 2020).

Genótipo	Schmildt <i>et al.</i> (2011)								
	Ambiente geral			Ambiente favorável			Ambiente desfavorável		
	Média (%)	σ (%)	I_i	Média (%)	σ (%)	I_{if}	Média (%)	σ (%)	I_{id}
BPX-477C-25-25-09	77,35	15,76	68,79	75,52	8,20	71,07	79,54	22,93	67,10
BPX-477C-25-27-15	113,10	24,11	100,02	112,54	18,26	102,63	113,78	32,18	96,31
BPX-477C-25-05-04	164,55	27,61	149,57	148,03	15,02	139,88	184,38	26,89	169,79
BPX-477C-25-05-15	127,54	16,65	118,45	128,61	21,38	117,00	126,26	11,24	120,15
BPX-477C-25-17-02	61,75	16,88	52,59	70,98	7,10	67,13	50,68	19,20	40,25
BPX-477C-25-17-14	91,86	19,13	81,47	88,28	13,31	81,05	96,15	25,52	82,30
BPX-477C-34-26-01	80,55	20,74	69,28	79,28	14,95	71,16	82,07	28,13	66,80
BPX-477C-34-26-04	99,50	25,35	85,74	93,54	30,58	76,94	106,65	17,90	96,93
BPX-477C-34-26-05	59,45	26,21	45,22	60,84	18,09	51,02	57,78	36,08	38,19
BPX-477C-40-14-02	116,89	16,54	107,91	114,11	14,61	106,18	120,24	19,79	109,50
BPX-477C-40-14-08	123,51	18,89	113,25	125,04	9,77	119,73	121,67	27,66	106,66
BPX-477C-40-14-10	75,39	23,75	62,50	73,19	19,64	62,52	78,03	30,19	61,64
BPX-477C-25-07-01	88,48	16,93	79,29	93,65	14,92	85,55	82,27	18,70	72,11
BPX-477C-25-07-02	126,67	15,33	118,35	124,36	13,28	117,15	129,45	18,70	119,30
BPX-477C-25-09-02	61,51	23,15	48,94	74,31	17,83	64,63	46,14	20,06	35,27
BPX-477C-25-09-03	110,90	12,26	104,24	116,25	8,66	111,55	104,47	13,69	97,04
BPX-477C-25-09-04	109,03	27,02	94,36	108,39	27,04	93,71	109,80	30,17	93,43
BPX-477C-25-07-15	113,31	23,80	100,39	108,98	20,49	97,86	118,49	28,80	102,86
BPX-477C-34-08-16	129,51	23,18	116,93	124,72	14,64	116,77	135,26	31,62	118,10

BPX-477C-25-01-02	59,03	30,01	42,74	70,79	27,39	55,93	44,92	29,29	29,02
BPX-477C-25-01-05	68,04	19,82	57,28	74,95	13,75	67,48	59,75	24,27	46,58
BPX-477C-25-01-08	99,23	11,19	93,15	106,55	7,43	102,51	90,44	8,21	85,98
BPX-477C-25-16-11	98,38	14,10	90,73	88,53	4,81	85,91	110,21	12,14	103,61
BPX-477C-25-16-12	118,92	12,66	112,05	114,12	11,34	107,96	124,68	12,82	117,73
BPX-477C-25-16-13	112,64	22,63	100,35	102,60	9,75	97,31	124,69	28,80	109,06
BPX-477C-25-26-04	129,27	13,74	121,81	129,43	10,89	123,52	129,07	17,99	119,30
BPX-477C-25-26-06	95,61	13,51	88,27	95,29	4,84	92,66	95,98	20,65	84,77
BPX-477C-25-26-07	93,68	17,18	84,35	94,85	22,46	82,66	92,27	10,15	86,76
BPX-477C-25-26-15	64,44	28,04	49,22	83,93	21,03	72,51	41,05	12,63	34,20
BPX-477C-26-02-03	115,27	9,71	109,99	109,95	4,87	107,30	121,65	10,61	115,89
BPX-477C-26-02-04	119,93	14,28	112,17	118,28	9,44	113,16	121,90	19,74	111,18
BPX-477C-26-02-14	94,70	19,80	83,95	90,09	12,12	83,51	100,24	26,96	85,61

Legenda: σ (%)= desvio padrão da média, I_i = índices de segurança para ambos ambientes; I_{if} = índices de segurança para ambiente favorável; I_{id} = índices de segurança para ambiente desfavorável

Fonte: Autora (2024).

5.6 DISCUSSÃO

Caracteres produtivos e qualitativos de frutos de tomateiro são normalmente controlados quantitativamente, além de que os caracteres têm a expressão fenotípica modificada por genes de efeito aditivo, pleitrópicos, epistáticos e algumas vezes de penetrância e expressividade. A interação genótipo \times ambiente dificulta o melhoramento de plantas, pois causa inconsistências na expressão do fenótipo, dificultando a seleção e recomendação de cultivares tarefa nada fácil. No entanto, aproveitar os efeitos da interação pode ser um ponto favorável ao melhoramento. Por isso, estudos de adaptabilidade e estabilidade de genótipos são importantes para entender essa relação. Na literatura, vários modelos matemáticos estatísticos estão disponíveis para estimar essas características, basta adequar o que contemple melhor aos objetivos do programa de melhoramento em desenvolvimento. Para o tomateiro, estudos dessa natureza são escassos, principalmente no Brasil.

Os programas de melhoramento do tomateiro de algumas das principais empresas de produção de sementes híbridas, obedecem ao sistema globalizado, em que dezenas de híbridos desenvolvidos em um único local são distribuídos para avaliação em todo o mundo, anualmente, sendo, a partir dos ensaios de competição, realizada a recomendação dos melhores para cada região ou país. Esse fato, torna o estudo de interação genótipo \times ambiente de fundamental importância para recomendação.

No nosso trabalho, propusemos avaliar a adaptabilidade e estabilidade de 32 linhagens de tomateiro isogênicas, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento e do alelo *og^c*, responsável pela síntese de licopeno no fruto. A produção de frutos foi adotada como principal caractere para estabelecer esses estudos. Consideramos como ambientes as colheitas que foram agrupadas em 11, realizadas durante o período de colheita, que foi de agosto a novembro de 2020.

Os resultados demonstraram interação com as épocas de colheita, com linhagens sendo classificadas de ampla adaptabilidade, adaptabilidade específica a ambientes desfavoráveis e linhagens que utilizam as características do ambiente a seu favor para ganhos produtivos. Dos onze ambientes considerados (épocas de colheita) cinco deles foram classificados como desfavoráveis, com base no índice ambiental (A_j -negativo) (Tabela 12). As colheitas realizadas entre 30/08/2020 e 28/10/2020 foram classificadas como ambientes favoráveis (A_j -positivo). A Figura 9, relativa as condições climáticas no período de cultivo e

colheita (agosto a dezembro), informa as temperaturas máxima, mínima e média, e umidade relativa do ar. A condição desfavorável pode ter sido criada pelas baixas temperaturas entre julho e agosto e altas entre novembro e dezembro, associadas a alta umidade relativa nesses mesmos períodos. O tomateiro é uma planta C3 que não tolera temperaturas extremas, sendo que as baixas reduzem o metabolismo e as altas levam a fotorrespiração, ambas causando estresse fisiológico.

Para discriminar as linhagens foram aplicados quatro modelos matemáticos, divididos em paramétricos e não paramétricos [(WRICKE (1965), EBERHART; RUSSELL (1966), CRUZ; TORRES; VENKOVSKY (1989) e SCHMILDT *et al.* (2011)]. O modelo matemático proposto por Wricke (1965) discriminou quatro linhagens como as mais estáveis e adaptadas (Tabelas 10), no entanto, esse método não estratifica os ambientes em favorável e desfavorável. Apenas uma linhagem (BPX-477C-25-16-12) entre as quatro discriminadas por Wricke (1965) foi também discriminada pelo modelo de Eberhart; Russel (1966), classificada como de adaptabilidade específica em ambiente desfavorável. Apesar da alta adaptabilidade estimada, as linhagens foram de baixa produtividade, variando de 34,35 a 65,67 toneladas por hectare, o que é contraditório.

O modelo de Eberhart; Russel (1966) discriminou 29 linhagens com adaptabilidade ampla (Tabelas 11). Para auxiliar na interpretação da estabilidade, utilizou-se o coeficiente de determinação (R^2), que reflete o percentual de qualidade do ajuste do modelo linear aos dados experimentais (CRUZ *et al.*, 2021). Dentre as 29 linhagens classificadas pelo modelo matemático de Eberhart; Russell (1966), como de ampla adaptabilidade, 11 obtiveram valores de R^2 estimados com ajustes para equação linear acima de 80%, ou seja, ideal. Dessas 11 linhagens, apenas três produziram acima de 80 toneladas de frutos por hectare (BPX-477C-34-08-16, BPX-477C-25-07-02 e BPX-477C-25-05-04), portanto, promissoras (Tabela 11). Essas três linhagens têm características em seu background que proporcionam consistência na produção de frutos durante todo o ciclo do tomateiro, sem que haja influência significativa do ambiente sobre o genótipo. Duas delas foram também discriminadas pelos modelos matemáticos de Cruz; Torres; Venkovsky, 1989 e Schmildt *et al.* 2011 (BPX-477C-25-07-02 e BPX-477C-25-05-04) e a terceira apenas por Schmildt *et al.* (2011) (BPX-477C-34-08-16).

Das três linhagens restantes, apenas uma foi responsiva no ambiente favorável (BPX-477C-25-26-04), em que, a qualidade de ajuste ao modelo (R^2) foi de 81,67%, porém a produção de frutos foi em torno de 50 toneladas por hectare, considerada razoável se tratando de uma linhagem. Essa linhagem também foi discriminada pelo modelo

matemático Schimildt *et al.* (2011), como de alta adaptabilidade. As duas linhagens (BPX-477C-26-02-03 e BPX-477C-25-16-12) com adaptabilidade em ambiente desfavorável, discriminadas por Eberharth; Russel, tiveram o R^2 estimados acima de 80% e produtividade de 86,71 e 65,67 t ha⁻¹ respectivamente, portanto, muito promissoras. A linhagem BPX-477C-25-16-12 foi também discriminada com alta adaptabilidade e estabilidade por meio do modelo de Schimildt *et al.* (2011) (Tabelas 14).

O método de Cruz; Torres; Venkovsky, (1989), baseia-se na análise de regressão linear bissegmentada. Este método considera como cultivar ideal, aquela que tiver alta produtividade, adaptabilidade a ambientes desfavoráveis, responsividade à melhoria ambiental e desvio da regressão zero (não significativo). Cinco linhagens foram discriminadas com alta adaptabilidade e estabilidade, com produtividade média entre 79,87 e 119,99 t/hectare e a qualidade de ajuste dos R^2 acima de 80%, portanto, o que preconiza o modelo proposto por Cruz; Torres; Venkovsky, (1989). Das cinco linhagens, três foram discriminadas no modelo de Schimildt *et al.* (2011) e, no ambiente desfavorável, duas linhagens foram discriminadas pelo modelo (BPX-477C-25-16-13 e BPX-477C-25-16-11), com valores de R^2 acima de 80%, porém, apenas BPX-477C-25-16-13 com alta produtividade. No ambiente favorável, três linhagens se destacaram com alta estabilidade e adaptabilidade, porém, os valores de R^2 não se ajustaram com qualidade ao modelo linear bissegmentado.

O modelo matemático de Schimildt *et al.* (2011) é de fácil interpretação e valoriza os desvios entre ambientes, considerando o número de ambientes analisados. A linhagem BPX-477C-34-08-16 foi discriminada pelas metodologias de Cruz; Torres; Venkovsky (1989) e Schimildt *et al.* (2011), como de alta adaptabilidade e estabilidade em ambiente favorável. No ambiente desfavorável a linhagem BPX-477C-25-16-12 foi discriminada pelo método de Eberharth; Russel (1966) e Schimildt *et al.* (2011), como de alta adaptabilidade e estabilidade. A linhagem BPX-477C-25-16-11 nesse ambiente foi discriminada pelo modelo matemático de Cruz; Torres; Venkovsky (1989) e Schimildt *et al.* (2011).

Importante salientar que oito das nove linhagens selecionadas pelo índice de seleção (Artigo 1), baseado em soma de postos de Mulamba; Mock (1978) foram discriminadas pelos modelos matemáticos aplicados, com alta adaptabilidade ampla e/ou específica. Portanto, as linhagens além de apresentarem equilíbrio entre caracteres produtivos e de qualidade de frutos, são de alta estabilidade e adaptabilidade aos ambientes. Esses atributos são importantes no background das linhagens para obtenção de híbridos,

principalmente, porque, muitos desses atributos são de alta herdabilidade.

No cômputo geral dos resultados, considerando os métodos paramétricos e não paramétricos de seleção para multicares e os modelos matemáticos aplicados para estimativas de adaptabilidade e estabilidade, podemos considerar coerência e confiabilidade nos dados e procedimentos estatísticos adotados. Essa acurácia dos achados nos permitiu selecionar linhagens com equilíbrio entre componentes de produção e qualidade de frutos, com estabilidade e adaptabilidade ampla e específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis. Assim, as linhagens BPX-477C-26-02-04-10, BPX-477C-40-14-08-08, BPX-477C-25-01-08-01, BPX-477C-25-09-03-06, BPX-477C-25-16-11-14, BPX-477C-25-05-04-02, BPX-477C-25-27-15-09 BPX-477C-25-05-04-06, portadoras de alelos mutantes de amadurecimento (*rin*, *nor^d*) e de síntese de pigmentos (*og^c*) são preditas como as mais promissoras para combinações em cruzamentos, visando a obtenção de híbridos extralonga vida.

Tabela 15 – Linhagens discriminadas em cada método de estimativa de adaptabilidade e estabilidade fenotípica.

DISCRIMINAÇÃO	WRICKE,1965	EBERHARTE RUSSEL, 1966	CRUZ; TORRES; VENKOVSKY, 1989	SCHMILDT <i>ET AL.</i> , 2011	ÍNDICE DE SELEÇÃO
AMPLA ADAPTABILIDADE				BPX-477C-25-27-15	
				BPX-477C-25-05-04	
				BPX-477C-25-05-15	
				BPX-477C-40-14-02	
				BPX-477C-40-14-08	
	BPX-477C-34-08-16	BPX-477C-34-08-16	BPX-477C-25-27-15	BPX-477C-25-07-02	
	BPX-477C-25-07-02	BPX-477C-25-07-02	BPX-477C-25-05-04	BPX-477C-25-09-03	
	BPX-477C-25-05-04	BPX-477C-25-05-04	BPX-477C-25-07-02	BPX-477C-25-07-15	
			BPX-477C-26-02-03	BPX-477C-34-08-16	
			BPX-477C-26-02-04	BPX-477C-25-16-12	
ADAPTABILIDADE				BPX-477C-25-16-13	
				BPX-477C-25-26-04	
				BPX-477C-26-02-03	
				BPX-477C-25-05-04	
				BPX-477C-25-05-15	
				BPX-477C-40-14-02	BPX-477C-26-02-14-05
				BPX-477C-40-14-08	BPX-477C-26-02-04-10
			BPX-477C-25-07-02	BPX-477C-40-14-08-08	
		BPX-477C-26-02-03	BPX-477C-25-16-11	BPX-477C-25-09-03	

<p>ESPECÍFICA – AMBIENTE DESFAVORÁVEL</p>	<p>BPX-477C-25-16-12</p>	<p>BPX-477C-25-16-13</p>	<p>BPX-477C-34-08-16 BPX-477C-25-01-08 BPX-477C-25-16-12 BPX-477C-25-16-13 BPX-477C-25-26-04 BPX-477C-26-02-03 BPX-477C-26-02-04</p>	<p>BPX-477C-25-01-08-01 BPX-477C-25-09-03-06 BPX-477C-25-16-11-14 BPX-477C-25-05-04-02 BPX-477C-25-27-15-09 BPX-477C-25-05-04-06</p>
<p>ADAPTABILIDADE ESPECÍFICA – AMBIENTE FAVORÁVEL</p>	<p>BPX-477C-25-26-04</p>	<p>BPX-477C-34-26-04 BPX-477C-25-07-15 BPX-477C-34-08-16</p>	<p>BPX-477C-25-27-15 BPX-477C-25-05-04 BPX-477C-25-05-15 BPX-477C-40-14-02 BPX-477C-40-14-08 BPX-477C-25-07-02 BPX-477C-34-08-16 BPX-477C-25-01-08 BPX-477C-25-16-12 BPX-477C-25-26-04 BPX-477C-26-02-03 BPX-477C-26-02-04</p>	

Fonte: Autora (2024).

5.7 CONCLUSÃO

Os modelos matemáticos utilizados, principalmente de Eberhart; Russel (1966), Cruz *et al.* (1989) e Schmildt *et al.* (2011) para estimar adaptabilidade e estabilidade fenotípica foram coerentes e eficientes.

As linhagens selecionadas por índice de seleção foram discriminadas pelos métodos como de alta adaptabilidade e estabilidade temporal, sendo classificadas em ampla adaptabilidade e adaptabilidade específica para ambientes favoráveis e desfavoráveis.

5.8 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AMARAL, C. B.; MÔRO, G. V. Estabilidade e adaptabilidade do florescimento em variedades de milho. **Ciência & Tecnologia**, v.9, p.1-5, 2017.

ANNICCHIARICO, P. Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in Northern Italy. **Journal of Genetics and Breeding**, [s.l.], v. 46, p. 269-269, 1992.

BANZATTO, D.; KRONKA, S.N. **Experimentação Agrícola**. Ed.4. Funep. 2006.

BASTOS, I. T.; BARBOSA, M. H. P.; RESENDE, M. D. V.; PETERNELLI, L. A.; SILVEIRA, L. C. I.; DONDA, L. R.; FORTUNATO, A. A.; COSTA, P. M. A.; FIGUEIREDO, I. C. R. Avaliação da interação genótipo x ambiente em cana-de-açúcar via modelos mistos. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 37, n. 4, p. 195-203, 2007.

BERRY, S. Z.; UDDIN, M. R.; GOULD, W. A.; BISGES, A. D.; DYER, G. D. Stability in fruit yield, soluble solids and citric acid of eight machine-harvested processing tomato cultivars in Northern Ohio. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 113, n. 4, p. 604-608, 1988.

CANTERI, M. G., ALTHAUS, R. A., VIRGENS FILHO, J. S., GIGLIOTI, E. A., GODOY, C. V. SASM - Agri: Sistema para análise e separação de médias em experimentos agrícolas pelos métodos Scott - Knott, Tukey e Duncan. **Revista Brasileira de Agrocomputação**. v.1, n.2, p. 18-24. 2001.

CONTI, S.; SANGUINETI, M. C.; RONCARATI, R. Hybrid performance as compared to parents in processing tomato. **Advances in Horticultural Science**, Florence, v. 4, n. 3, p. 151-154, 1990.

CRUZ C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2012, 544 p.

CRUZ, C. D. Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. **Acta Scientiarum**, v. 38, p. 547-552, 2016.

- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2. ed. Viçosa: UFV, v. 2, 2003.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; BHERING, L. L. Biometry in plant breeding. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, Viçosa, MG, v. 21, e380621S5, jul. 2021.
- CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa, MG: UFV, v. 2, p. 668, 2014.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A.J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 2 ed. Viçosa: UFV, p. 390, 1997.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: UFV, 390 p. 2006.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, v. 1, 2004.
- CRUZ, C.D.; TORRES, R.A.D.; VENCOSKY, R. An alternative approach to the stability analysis proposed by Silva and Barreto. **Revista Brasileira de Genética**, v.12, p.567-580, 1989.
- EBERHART, S. A.; RUSSELL, W. A. Stability parameters for comparing varieties. **Crop Science**. v. 6, p. 3640, 1966.
- EMBRAPA, Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária. **Sistema Brasileiro de Classificação de Solos**. Humberto Gonçalves dos Santos ... [et al.]. – 5. ed., rev. e ampl. – Brasília, DF: 2018.
- FINLAY, K. W.; WILKINSON, G.N. The analysis of adaptation in a plant breeding programme. **Austr. J. Agric. Res.**, East Melbourne, v. 14, p. 742-754, 1963.
- GABRIEL, A. et al. Phenotypic stability of strawberry cultivars assessed in three environments. **Genetics and Molecular Research**, v. 33, n. 3. 2018.
- GULL, D.D.; STOFFELLA, P.J.; OLSON, S.M.; LOCASCIO, S.J.; SCOTT, J.W.; HOWE, T.K.; EVERETT, P.H.; BRYAN, H.H. Quality of Florida fresh market tomato genotypes as affected by location of production. **Proc. Fla. State Hort. Soc.** 97:140-142, 1984.
- LIN, C. S.; BINNS, M. R. A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. **Canadian Journal of Plant Science**, v. 68, n. 1, p.193-198, 1988.
- MARO, L.; MARIGUELE, K. Avaliação agronômica de cultivares cítricos na região da Grande Florianópolis, Brasil. **Agropecuária Catarinense**, v. 35, p. 90-96, 2022.
- NITSCHKE, P.R.; CARAMORI, P.H.; RICCE, W.S.; PINTO, L.F.D. **Atlas Climático do Estado do Paraná**. Londrina, PR: IAPAR, 2019. Acesso em 10/09/2024. <https://www.idrparana.pr.gov.br/Pagina/Atlas-Climatico>

- ORTIZ, R. Una metodología de selección múltiple por productividad y estabilidad para cultivares de tomate. **Agrociencia**, Ibadan, v. 7, n. 2, p. 135-142, 1991.
- ORTIZ, R.; IZQUIERDO J. Yield stability differences among tomato genotypes grown in Latin America and the Caribbean. **HortScience**, Alexandria, v. 29, n. 10, p. 1175-1177, 1994.
- PEIXOTO, N.; MENDONÇA, J. L.; SILVA, J. B. C.; BARBEDO, A S. C. Rendimento de cultivares de tomate para processamento industrial em Goiás. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v. 17, n. 1, p. 54-57, mar. 1999.
- PLAISTED, R.L.; PETERSON, L.C. A technique for evaluating the ability of selections to yield consistently in diferente locations and seasons. **Amer. Pot. J.**, v. 36, p. 381 – 385, 1959.
- POYSA, V. W.; GARTON, R.; COURTNEY, W. H.; METCALF, J. G.; MUEHMER, J. Genotype-environment interactions in processing tomatoes in Ontario. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Alexandria, v. 111, n. 2, p. 293-297, 1986.
- RESENDE et al., Caracterização química de morangos orgânicos congelados e embalados em alumínio. **Society and Development**, v. 9, n.5, e73953115, 2020.
- REZENDE, W. S.; CRUZ, C. D.; BORÉM, A. Half a century of studying adaptability and stability in maize and soybean in Brazil. **Scientia Agricola**, 78(3), e20190197, 2021.
- ROSA, G. F. OLIVEIRA, D. A.; SILVA, F. L.; SEGRI, N. J.; HONGYU, K. Verificação da adaptabilidade e estabilidade em milhos pelo método AMMI. **Biodiversidade**, v. 16, p. 68-81, 2017.
- SCHMILDT, E. R.; CRUZ, C. D. Adaptabilidade e estabilidade do milho utilizando métodos de Eberhart e Russell e Annicchiarico. **Revista Ceres**, v. 52, p.45-58, 2005.
- SCHMILDT, E. R.; NASCIMENTO, A. L.; CRUZ, C. D.; OLIVEIRA, J. A. R. Avaliação de metodologias de adaptabilidade e estabilidade de cultivares milho. **Acta Scientiarum. Agronomy**, v. 33(1), p. 51–58, 2011.
- SILVA, J. G. C., BARRETO, J.N. **Aplicação da regressão linear segmentada em estudos da interação genótipo x ambiente**. In: SIMPÓSIO DE EXPERIMENTAÇÃO AGRÍCOLA, 1., Anais... Piracicaba: ESALQ, 1985. p. 49-50.
- VERMA, M. M.; CHAHAL, G.S., MURTY, B.R. Limitations of conventional regression analysis: a proposed modification. **Theoretical and applied genetics**, v. 53, p. 89-91, 1978.
- VOICAN, V.; LACATUS, V.; TANASESCU, M.; FERNANDEZ MUÑOZ, R.; CUARTERO, J.; GOMEZ GUILLAMON, M. L. Growth and development of tomato plants related to climatic conditions from some areas of Romania. **Acta Horticulturae**, Leuven, n. 412, p. 355-365, 1995.
- WILLIAMS, W.; GILBERT, N. Heterosis and the inheritance of yield in the tomato. *Heredity*, 14, 133-149, 1960.

WRICKE, G. Zur Berechnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. **Pflanzenzuchtung**, Berlin, v. 52, n. 1, p. 127-138, 1965.

6 ANEXOS

6.1 ANEXO A – ANÁLISE QUÍMICA DE SOLO.



NEOSOLO AGROANÁLISES

CNPJ: 09.534.471/0001-54

Rua Visconde de Mauá, 112 - FONE: (43) 3026-1117 - LONDRINA - PARANÁ

Convênio:	Particular	
Solicitante:	Universidade Estadual de Londrina - UEL	Data: 06/05/2020
Propriedade:	Campus Uel	Matrícula: Gleba: 02 - Tomate
Proprietário/Arrendatário:	Daniel Suek Zanin	Área (ha):
Endereço:	Londrina - PR	

RESULTADO DA ANÁLISE DO SOLO

Identificação da Amostra	Amostra	38324
	Profundidade	00-20

QUÍMICA BÁSICA

mg/dm ³	Fósforo.....P	151,3
	Matéria Orgânica.....M.O.	32,3
	pH em CaCl ₂>	5,8
	Alumínio.....(Al ³⁺)	0,0
	Acidez Potencial.....(H + Al ³⁺)	2,42
	Cálcio.....(Ca ²⁺)	11,2
	Magnésio.....(Mg ²⁺)	2,9
	Potássio.....(K ⁺)	1,54
	Soma de Bases.....SB	15,7
	C.T.C.....>	18,1
cmol _c /dm ³	Saturação por Bases.....V%	86,6
	Saturação por Alumínio.....m%	0,0
	Saturação por cálcio.....%Ca ²⁺	61,8
	Saturação por magnésio.....%Mg ²⁺	16,3
	Saturação por potássio.....%K ⁺	8,5
Relações	Cálcio / Magnésio.....Ca / Mg	4
	Cálcio / Potássio.....Ca / K	7
	Magnésio / Potássio.....Mg / K	2

MICROELEMENTOS

mg/dm ³	Boro.....B	0,84
	Cobre.....Cu	4,76
	Ferro.....Fe	26,04
	Manganês.....Mn	152,45
	Zinco.....Zn	11,87
mg/dm ³	ENXOFRE.....(S-SO ₄ ²⁻)	5,20

GRANULOMETRIA

%	Argila.....>	NS
	Silte.....>	NS
	Areia.....>	NS
	Classificação.....>	NS
outros		



EXTRATORES	Granulometria: Método do Densímetro (H ⁺ +Al ³⁺): SMP (C):Walkey Black (S-SO ₄ ²⁻):Fosfato Monocalcico - 500mg de P/l (B): Água Quente		
	(Ca ²⁺ , Mg ²⁺ , Al ³⁺): KCL 1M	Alto	Médio
(Cu, Fe, Mn, Zn, P, K ⁺): Mehlich I	Não Prejudicial	Pouco Prejudicial	Prejudicial

Fernando P. Meneghel
Engenheiro Agrônomo
Crea: PR 25074/D

Obs.: Este laudo de análise refere-se a amostras enviadas ao laboratório, não contendo recomendação de fertilizantes e corretivos.

6.2 ANEXO B – CARACTERÍSTICAS GENOTÍPICAS CONSIDERANDO TODAS AS 448 LINHAGENS/PLANTAS AVALIADAS. DETERMINAÇÃO DO HÁBITO DE CRESCIMENTO (DETERMINADO OU INDETERMINADO); FRUTO JOINTLESS (RETENÇÃO DO PEDÚNCULO, SIM: RETIDO; NÃO JOINTLEES: NÃO RETIDO), PRESENÇA DOS ALELOS MACROCALYX (*MC*) E OLD GOLD CRIMSON (*OG^c*) E FENÓTIPO DO FRUTO MADURO NA PLANTA (VN: VERMELHO NORMAL; *NOR^d*: VERMELHO PÁLIDO; *RIN*: AMARELO LIMÃO).

Linhagens/Plantas	Hábito de crescimento	Fruto jointless	Alelo (<i>mc</i>)	Alelo (<i>og^c</i>)	Fruto maduro
BPX-477C-25-25-09-01	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-02	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-03	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-04	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-06	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-07	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-08	Determinado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-09	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-10	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-11	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-13	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-25-09-14	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-01	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-02	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-03	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-04	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-05	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-06	Indeterminado	sim	sim	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-27-15-07	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-08	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-09	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-10	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-11	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-12	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-13	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-27-15-14	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>

BPX-477C-25-05-04-01	Determinado	sim	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-05-04-02	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-04	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-05	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-06	Determinado	sim	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-05-04-07	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-08	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-09	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-10	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-11	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-05-04-12	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-13	Indeterminado	sim	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-05-04-14	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-04-15	Indeterminado	sim	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-05-15-01	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-03	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-04	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-06	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-07	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-08	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-09	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-10	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-11	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-13	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-14	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-15	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-05-15-16	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-17-02-01	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-17-02-02	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-17-02-03	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-17-02-04	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-17-02-05	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-17-02-06	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>

BPX-477C-25-17-02-07	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-02-08	Determinado	sim	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-02-09	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-02-10	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-02-11	Determinado	sim	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-02-12	Determinado	sim	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-02-13	Determinado	sim	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-02-14	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-01	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-02	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-03	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-04	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-05	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-06	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-07	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-08	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-09	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-10	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-11	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-12	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-13	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-17-14-14	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-26-01-01	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-34-26-01-02			*		
BPX-477C-34-26-01-03					
BPX-477C-34-26-01-04	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-26-01-05			*		
BPX-477C-34-26-01-06	Determinado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-26-01-07			*		
BPX-477C-34-26-01-08	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-34-26-01-09	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-34-26-01-10	Determinado	não	sim	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-26-01-11	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>

BPX-477C-34-26-01-12	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-34-26-01-13	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-01-14	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-01	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-02	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-03	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-04	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-05	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-06	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-07	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-08	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-09	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-10	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-11	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-12	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-13	Determinado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-04-14			*		
BPX-477C-34-26-05-01	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-02	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-03	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-04	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-05	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-06	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-07	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-08	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-09	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-10	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-11	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-12	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-13	Determinado	sim	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-34-26-05-14	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-01	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-02	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-03	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>

BPX-477C-40-14-02-04	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-05			*		
BPX-477C-40-14-02-06	Indeterminado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-40-14-02-07	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-08	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-09	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-10	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-11	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-12	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-13	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-02-14	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-01	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-02	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-03	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-04	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-05	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-06	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-07	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-08	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-09	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-10	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-11	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-12	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-13	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-08-14	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-01	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-02	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-03	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-04	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-05	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-06	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-07	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-08	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>

BPX-477C-40-14-10-09	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-10	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-11	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-12	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-13	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-40-14-10-14	Determinado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-01	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-02	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-03	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-04	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-05	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-06	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-07	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-09	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-10	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-11	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-12	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-13	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-14	Indeterminado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-01-15	Determinado	não	não	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-01	Indeterminado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-02	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-03	Indeterminado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-04	Indeterminado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-06	Indeterminado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-07	Indeterminado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-08	Indeterminado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-09	Indeterminado	não	não	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-10	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-11	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-12	Indeterminado	não	sim	não	<i>nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-13	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-07-02-14	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin/nor⁴</i>

BPX-477C-25-09-02-01	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-02	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-03	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-04	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-05	Indeterminado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-06	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-07	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-08	Indeterminado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-09	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-10	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-11	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-12	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-13	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-02-14	Indeterminado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-01	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-02	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-03	Indeterminado	não	não	não	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-04	Determinado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-05	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-06	Indeterminado	não	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-07	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-08	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-09	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-10	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-11	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-12	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-13	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-03-14	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-01	Indeterminado	sim	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-02	Indeterminado	não	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-03	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-04	Indeterminado	não	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-05	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>nor^d</i>

BPX-477C-25-09-04-06	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-07	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-08	Indeterminado	não	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-09	Indeterminado	não	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-10	Indeterminado	não	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-11	Indeterminado	não	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-12	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-13	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-09-04-14	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-01	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-02	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-05	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-06	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-07	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-08	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-09	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-10	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-11	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-12	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-13	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-14	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-15	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-07-15-16	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-01	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-02	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-03	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-04	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-05	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-06	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-07	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-08	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-09	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-10	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-11	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>

BPX-477C-34-08-16-12	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-13	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-34-08-16-14	Indeterminado	não	não	sim	<i>nor^d</i>
BPX-477C-25-01-02-01	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-02	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-03	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-04	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-05	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-06	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-07	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-08	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-09	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-10	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-11	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-12	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-13	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-02-14	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-01	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-02			*		
BPX-477C-25-01-05-03	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-04	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-05	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-06	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-07	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-08	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-25-01-05-09	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-10			*		
BPX-477C-25-01-05-11	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-05-12			*		
BPX-477C-25-01-05-13	Determinado	não	sim	não	<i>rn</i>
BPX-477C-25-01-05-14	Determinado	sim	sim	não	<i>rn</i>
BPX-477C-25-01-08-01	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-02	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>

BPX-477C-25-01-08-03	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-04	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-05	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-06	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-07	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-08	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-09	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-10	Indeterminado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-25-01-08-11	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-13	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-14	Determinado	não	não	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-01-08-15	Determinado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-01	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-02	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-03	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-04	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-06	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-09	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-10	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-11	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-12	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-13	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-14	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-15	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-11-16	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-01	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-02	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-03	Determinado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-04	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-06	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-07	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-08	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>

BPX-477C-25-16-12-09	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-10	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-13	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-14	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-12-15	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-01	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-02	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-03	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-04	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-06	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-07	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-08	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-09	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-10	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-11	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-13	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-16-13-14	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-01	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-02			*		
BPX-477C-25-26-04-03			*		
BPX-477C-25-26-04-04	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-05	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-06			*		
BPX-477C-25-26-04-07	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-08	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin/nor</i> ⁴
BPX-477C-25-26-04-09	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-10	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-11			*		
BPX-477C-25-26-04-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-04-13	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>

BPX-477C-25-26-04-14	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-01	Indeterminado	sim	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-02	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-03	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-04	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-06	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-07	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-08	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-09	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-10	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-11	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-13	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-06-14	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-01	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-02	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-03	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-04	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-06	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-07	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-08	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-09	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-10	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-11			*		
BPX-477C-25-26-07-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-13	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-07-14	Indeterminado	sim	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-01	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-02	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-03	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-04	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-05	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>

BPX-477C-25-26-15-06	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-07	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-08	Determinado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-26-15-09	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin/nor⁴</i>
BPX-477C-25-26-15-10	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-11	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-12	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-13	Indeterminado	não	sim	sim	<i>rin</i>
BPX-477C-25-26-15-14	Indeterminado	não	sim	não	<i>rin</i>
BPX-477C-26-02-03-01	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-02	Indeterminado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-03	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-04	Indeterminado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-05	Indeterminado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-06	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-07	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-08	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-09	Indeterminado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-10	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-11	Indeterminado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-12	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-13	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-03-14	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-01	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-02	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-03	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-04	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-05	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-06	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-07	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-08	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-09	Indeterminado	não	sim	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-10	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>

BPX-477C-26-02-04-11	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-12	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-13	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-04-14	Indeterminado	não	não	sim	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-01	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-02	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-03	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-04	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-05	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-06	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-07	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-08	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-09	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-10	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-11	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-12	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-13	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>
BPX-477C-26-02-14-14	Determinado	não	não	não	<i>vn</i>

Legenda: * Plantas eliminadas. **Fonte:** Autora (2024).