

UNIVERSIDADE FEDERAL DE VIÇOSA

FELIPE DE OLIVEIRA DIAS

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS (F_{3:4}) DE TOMATEIROS RESISTENTES À REQUEIMA
EM ENSAIO COM TESTEMUNHAS INTERCALARES**

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2017

FELIPE DE OLIVEIRA DIAS

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS (F_{3:4}) DE TOMATEIROS RESISTENTES À REQUEIMA
EM ENSAIO COM TESTEMUNHAS INTERCALARES**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à Universidade Federal de Viçosa como parte das exigências para a obtenção do título de Engenheiro Agrônomo. Modalidade: trabalho científico.

Orientador: Carlos Nick Gomes

Coorientadores: Mariane Gonçalves Ferreira
Françoise Dalprá Dariva

VIÇOSA – MINAS GERAIS

2017

FELIPE DE OLIVEIRA DIAS

**SELEÇÃO DE FAMÍLIAS (F_{3:4}) DE TOMATEIROS RESISTENTES À REQUEIMA
EM ENSAIO COM TESTEMUNHAS INTERCALARES**

Trabalho de conclusão de curso apresentado à
Universidade Federal de Viçosa como parte das
exigências para a obtenção do título de Engenheiro
Agrônomo. Modalidade: trabalho científico.

APROVADO: 07 de dezembro de 2017.

Prof. Carlos Nick Gomes

Orientador

UFV

Aos meus pais, Osvando e Terezinha, que nas dificuldades da vida souberam me dar o mais importante: amor.

Aos meus irmãos Silvano, Eliana, Elizângela, Geovani, Rosa Mística, Renata, Fabiana, Tatiane e Bruna que compartilharam esse amor comigo.

Dedico

AGRADECIMENTOS

Sozinho, não se chega a lugar nenhum. É hora de agradecer aqueles que chegaram até aqui comigo. Por isso, agradeço:

A Deus, que me fez perseverar naquilo que Ele me permitiu sonhar: “Tudo foi feito por Ele, e sem Ele nada foi feito” (João 1, 3).

A minha Mãezinha do Céu, a quem sempre recorro: “Nossa Senhora” ou “Nossa Senhora das Mercês”.

Aos meus familiares que sempre me apoiaram e estiveram na torcida por mim.

Aqueles que lembraram de mim em suas orações.

Aos tantos amigos e estagiários, sem os quais seria impossível a execução desse trabalho.

A Universidade Federal de Viçosa pela minha formação.

Ao Departamento de Fitotecnia que cedeu a estrutura necessária para o desenvolvimento deste trabalho.

Ao Núcleo de Estudos em Olericultura por todo conhecimento compartilhado.

A FAPEMIG por me conceder a bolsa de iniciação científica.

As minhas coorientadoras Françoise e Mariane que me ajudaram na descrição desse trabalho. Agradeço ainda de modo particular a Mariane que me acompanhou durante todo o processo de execução e sempre esteve a disposição naquilo que eu precisava.

Ao meu orientador Carlos Nick pela oportunidade de realização deste trabalho.

Agradeço também a tantos outros que porventura não estejam sendo lembrados.

A todos vocês, o meu Muito Obrigado!

SUMÁRIO

RESUMO	iv
1. INTRODUÇÃO.....	1
2. MATERIAL E MÉTODOS.....	3
3. RESULTADOS E DISCUSSÃO	7
4. CONCLUSÕES	11
5. REFERÊNCIAS	12

RESUMO

O tomateiro é suscetível a várias doenças, dentre elas a requeima causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, que é uma das mais destrutíveis. O manejo dessa doença, geralmente, envolve a aplicação de grande quantidade de fungicidas, uma vez que não há no mercado cultivares resistentes. A resistência à requeima normalmente é encontrada em espécies silvestres, mas, cruzamentos com essas espécies não resultam em descendência com características agronômicas desejáveis. Assim, a identificação de genes de resistência na mesma espécie é vantajosa, tendo em vista que a transferência de alelos favoráveis e a recuperação das características agronômicas requeridas pelo mercado consumidor são facilitadas. Uma das principais limitações nas etapas iniciais dos programas de melhoramento é o grande número de famílias avaliadas, pois demanda muita mão de obra e recursos financeiros. Dessa forma, a utilização do delineamento com testemunhas intercalares facilita e reduz o custo das avaliações, ao permitir que as famílias não sejam repetidas na área experimental. Assim, o objetivo deste trabalho foi selecionar famílias $F_{3;4}$ de tomateiros resistentes à requeima no delineamento em blocos com testemunhas intercalares. Foram utilizadas 200 famílias endogâmicas ($F_{3;4}$), instaladas no delineamento com testemunhas intercalares sendo utilizada como testemunha suscetível a cultivar Santa Clara, e como testemunhas resistentes as cultivares NC1 CEL BR e NC 25P, que possuem genes de resistência a requeima com dominância parcial. Essas famílias foram avaliadas quanto a resistência a *P. infestans* por meio da inoculação artificial e avaliação da severidade da doença. Os isolados do patógeno utilizados no experimento foram coletados na região de Coimbra – MG. Após a coleta, as folhas lesionadas foram levadas para o laboratório onde foram submetidas à câmara úmida para induzir a esporulação. A mistura desses isolados foi utilizada para a inoculação das famílias. No campo, as plantas de cada família receberam notas de acordo com a severidade da doença, que foram utilizadas para a obtenção da área abaixo da curva de progresso da doença. Os dados foram analisados com uso do Software Genes. A variação ambiental das famílias foi corrigida com o efeito ambiental das testemunhas. Posteriormente, procedeu-se com o teste Scott-Knott nas médias corrigidas, de modo que as médias de cada família foram estatisticamente diferentes, sendo agrupadas em seis grupos distintos. O teste de Dunnett comparou as famílias com as testemunhas utilizadas, sendo observado materiais suscetíveis e resistentes em decorrência da segregação gênica do material avaliado. As 26 famílias mais resistentes foram selecionadas e devem prosseguir no programa de melhoramento para obtenção de linhagens de tomateiro resistentes a requeima.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*; *Phytophthora infestans*; melhoramento.

1. INTRODUÇÃO

O tomateiro, *Solanum lycopersicum* da família Solanaceae, é reconhecido como alimento de grande importância socioeconômica e nutricional, o qual pode ser consumido tanto *in natura* quanto processado, na forma de salada, sopa, suco, ketchup, molho, purê, pasta em pó entre outros produtos (Nahar *et al.*, 2011). Nutricionalmente, o tomate é rico em potássio, ácido fólico, vitamina C, vitamina E, flavonoides e carotenoides (beta caroteno e licopeno) (Waliszewski & Blasco, 2010; Palomo *et al.*, 2010).

A produção mundial de tomate é de 163,96 milhões de toneladas ocupando uma área de 4,73 milhões de hectares. O maior produtor mundial é a China, seguida dos Estados Unidos, Índia, Turquia e Egito (FAOSTAT, 2014). Em 2015, a produção brasileira foi de aproximadamente 3,7 milhões de toneladas, com produtividade média de 63,7 t ha⁻¹, destacando-se os estados de Goiás e Minas Gerais como os maiores produtores do país (Agrianual, 2016). No entanto, a tomaticultura é avaliada como uma atividade de alto risco, especialmente pelo elevado número de patógenos que ocasionam doenças na cultura. Dentre essas doenças, a requeima, causada por *Phytophthora infestans* (Mont.) de Bary, é a mais destrutível chegando a destruir todo o campo de produção em poucos dias (Duarte *et al.*, 2007).

A requeima ocorre em praticamente todos os campos de cultivo de tomate, sendo uma das mais importantes doenças em condições climáticas favoráveis, com temperaturas amenas (entre 15 e 20 °C) e umidade relativa superior a 85 % (Fiorini *et al.*, 2010). Essa doença pode rapidamente devastar a cultura do tomate, em qualquer fase do ciclo. A infecção pode ocorrer em todos os órgãos da planta acima do solo, causando necrose nas folhas e hastes, podridão do fruto, seguido de morte (Foolad *et al.*, 2008).

O manejo da requeima, geralmente, envolve a aplicação de grande quantidade de fungicidas. Fiorini *et al.* (2010), citando as estimativas de economistas do Centro Internacional de La Papa (CIP), verificou que mundialmente são gastos cerca de um bilhão de dólares por ano no controle dessa doença. Porém, com o desenvolvimento de resistência aos fungicidas, de formas mais agressivas do patógeno, das restrições ao controle químico e da preocupação com a segurança ambiental, a abordagem mais promissora para alcançar o controle é a introdução de genes de resistência nas cultivares comerciais (Park *et al.*, 2005).

A resistência à requeima normalmente é encontrada em espécies silvestres, no entanto, cruzamentos com essas espécies não resultam em descendência com características agronômicas desejáveis. Assim, a identificação de genes de resistência na mesma espécie é

vantajosa, uma vez que a transferência de alelos favoráveis e a recuperação das características agronômicas requeridas pelo mercado consumidor são facilitadas (Adalid *et al.*, 2011).

Nas primeiras etapas do melhoramento genético, o delineamento em blocos com testemunhas intercalares é alternativa viável para avaliação de grande número de famílias, principalmente quando é necessário reduzir custos e mão de obra ou quando a quantidade de sementes é baixa. Este modelo requer a atenuação dos efeitos ambientais sobre as comparações dos genótipos avaliados, uma vez que as famílias não são repetidas para estimar esse efeito. Dessa forma, a correção dos efeitos ambientais que atuam de forma diferenciada sobre as fileiras, é feita pelas informações das testemunhas que são intercaladas no ensaio (Cruz & Carneiro, 2003).

Desse modo, objetivou-se com este trabalho avaliar 200 famílias $F_{3;4}$ de *S. lycopersicum* quanto a resistência à *P. infestans* e selecionar as mais resistentes, em ensaio com testemunhas intercalares.

2. MATERIAL E MÉTODOS

Os experimentos foram conduzidos na Unidade de Ensino, Pesquisa e Extensão (“UEPE Horta Velha”) do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal de Viçosa, localizada em Viçosa-MG (20° 45’ 14’’ S; 42° 52’ 53’’ W; 648 m de altitude), no período de janeiro à novembro de 2017. Conforme classificação climática de Köppen, o clima regional é do tipo Cwb, mesotérmico úmido com verões chuvosos e invernos secos.

Foram realizados dois ensaios. No primeiro foram conduzidas 500 plantas F₃, oriundas do híbrido comercial nos Estados Unidos “Iron Lady”, as quais foram autofecundadas para a obtenção da geração seguinte. As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, contendo substrato comercial Tropstrato®. As plântulas foram transplantadas para o campo quando apresentavam entre 4-5 folhas definitivas totalmente expandidas, com espaçamento de 1,0 m x 0,6 m. A adubação foi feita conforme a análise de solos e a recomendação de acordo com a 5ª aproximação (1999). Os tratos culturais foram realizados conforme a necessidade da cultura. No segundo ensaio foram cultivadas 200 famílias endogâmicas F_{3:4}, as quais foram avaliadas quanto à resistência a requeima. A cultivar usada como testemunha suscetível a *P. infestans* foi a cultivar Santa Clara, e como testemunhas resistentes as cultivares NC1 CEL BR que possui os genes Ph2 e Ph3, e a NC 25P que possui apenas o gene Ph3. Estes genes possuem dominância parcial em relação a resistência à requeima. O delineamento utilizado foi em blocos com testemunhas intercalares, totalizando 10 blocos, com 20 famílias cada e três repetições das testemunhas no início, meio e fim do bloco. As parcelas foram constituídas de cinco plantas, sendo úteis as três centrais. A condução das mudas, transplântio a campo e os tratos culturais foram realizados da mesma forma do primeiro ensaio.

Para a avaliação da resistência a requeima, foram coletados isolados do patógeno *P. infestans* no município de Coimbra, localizado na Zona da Mata mineira, para formar a solução de inóculo. Durante as coletas as folhas infectadas foram destacadas e, posteriormente, acondicionadas em bandejas plásticas desinfetadas com álcool 70 % forradas com papel toalha umedecido. As bandejas foram armazenadas em sacos plásticos e mantidas a 18 °C por aproximadamente 24 h para incubação (formação de câmara úmida). A inoculação foi realizada com a mistura das suspensões contendo os diferentes isolados, que teve sua concentração ajustada por meio de hemacitômetro, para 1x10³ esporângios por mililitro de suspensão. Posteriormente, a suspensão da mistura foi colocada na geladeira por 1 h, em temperatura de aproximadamente 4 °C para induzir a liberação dos zoósporos. A inoculação foi realizada ao

anoitecer, com o auxílio de pulverizador costal 50 dias após o transplante no campo. Aplicou-se aproximadamente 10 ml da suspensão por planta, utilizando dosador universal de líquido. Para garantir o molhamento foliar das plantas foi realizada irrigação por aspersão todos os dias durante a semana, ao entardecer.

Após a inoculação, foram atribuídas notas às folhas de cada planta, conforme escala diagramática proposta por Corrêa *et al.*, (2009) (Figura 1). A avaliação da severidade da requeima foi feita individualmente em cada folha das plantas a cada três dias, por 18 dias, totalizando 6 avaliações. As notas foram utilizadas para determinar a área abaixo da curva de progresso da doença (AACPD).

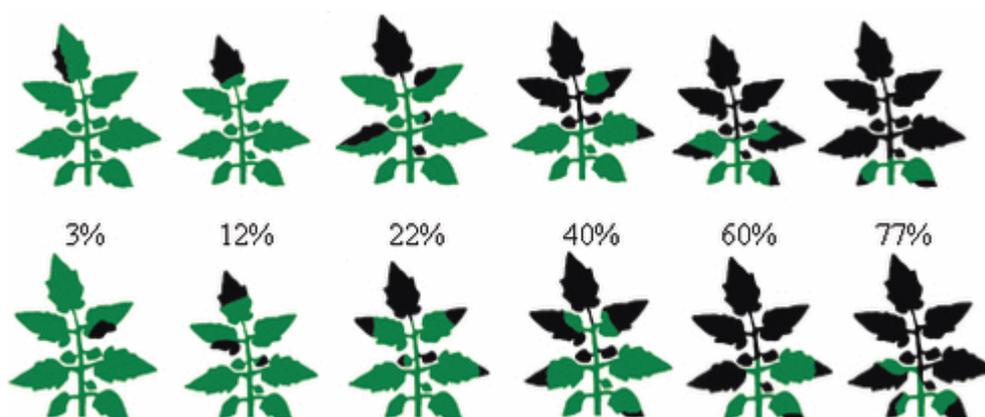


Figura 1: Escala diagramática para avaliação da severidade da requeima, causada por *Phytophthora infestans*, em tomateiro. **Fonte:** Corrêa *et al.*, 2009.

Os modelos estatísticos utilizados para as análises de acordo com Cruz & Carneiro (2003), foram os seguintes:

- Para as testemunhas:

$$Y_{ij} = \mu + T_i + \epsilon_{ij}$$

Onde:

Y_{ij} = valor da característica para a i -ésima testemunha na j -ésima repetição;

μ = média geral das testemunhas;

T_i = efeito da i -ésima testemunha;

ϵ_{ij} = erro aleatório que incide sobre as testemunhas.

- Para as famílias:

$$Y_i = \mu_f + F_i + \varepsilon_i$$

Onde:

Y_i = valor da característica para a i-ésima família;

μ_f = média geral das famílias;

F_i = efeito da i-ésima família;

ε_i = erro aleatório que incide sobre as famílias.

- Para estimar o efeito ambiental:

$$\omega_j = \bar{Y}_{.j} - \bar{Y}$$

Onde:

ω_j = efeito ambiental estimado;

$\bar{Y}_{.j}$ = média de todas as testemunhas no ponto j;

\bar{Y} = média geral de todas as testemunhas.

- Para correção dos valores médios da AACPD tendo em visto a redução das influências ambientais nas famílias:

$$V_{cx} = V_{0x} - \omega_f + \frac{pf - px}{(pf - pi)} (\omega_f - \omega_i)$$

Onde:

V_{cx} = valor da AACPD corrigido da família na fileira x;

V_{0x} = valor da AACPD original da família na fileira x;

ω_f = valor do efeito ambiental que ocorre nas testemunhas que se encontram na posição p_f das fileiras;

p_f = posição extrema final, onde se encontram as testemunhas;

p_x = posição ocupada pela família cujo valor está sendo corrigido;

p_i = posição extrema inicial, onde se encontram as testemunhas;

ω_i = valor do efeito ambiental que ocorre nas testemunhas que se encontram na posição p_i das fileiras.

Os dados foram processados com uso do Software Genes (Cruz, 2016). Foi aplicado o teste Scott-Knott para as médias originais e corrigidas ao nível de 5 % de significância. Para fins de comparação das famílias avaliadas com as testemunhas utilizadas, foi realizado o teste de Dunnett ao nível de 5 % de significância.

3. RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias fenotípicas das famílias foram corrigidas de forma a eliminar os efeitos ambientais. Assim, toda variação encontrada entre as famílias está relacionada a causas genéticas. Após a correção algumas médias apresentaram sinal negativo. Fato esse que pode ser explicado pela fórmula matemática empregada. Biologicamente, seu valor foi considerado zero. As famílias mais suscetíveis a requeima apresentaram valores médios corrigidos acima de 25, sendo a família 100 a que se mostrou mais suscetível com AACPD corrigida igual a 55,58.

O teste Scott-Knott aplicado para as médias originais formou apenas um único grupo. Já com os dados corrigidos, seis grupos distintos foram formados quanto ao grau de resistência das famílias a requeima (Figura 2). A formação dos grupos pode ser explicada pelo efeito do ambiente, que nas médias corrigidas das famílias não influenciaram o valor fenotípico. A variação da resistência encontrada entre as famílias é decorrente da segregação dos genes que controlam a resistência nesse material. Visto que o híbrido “Iron Lady”, do qual as famílias são oriundas possuem os genes Ph2 e Ph3 com dominância parcial a requeima, nove genótipos diferentes são possíveis considerando esses dois locos de resistência e que cada gene apresenta dois alelos. No entanto, a expressão fenotípica observada desses genótipos formou apenas seis grupos distintos quanto ao nível de resistência a requeima, sendo inferior ao esperado. Isso se deve, possivelmente, pelo fato de que os genótipos avaliados podem não ser suficientes para representar a população, visto que das 500 plantas F₃ somente 200 tiveram a progênie avaliada. Cada um dos grupos formados possuem um nível de resistência diferente, podendo ser mais ou menos resistente conforme o genótipo. O grupo mais suscetível a requeima (grupo F), é formado apenas pela família 100, que pelo teste Scott-Knott foi mais suscetível que a cultivar Santa Clara, testemunha suscetível a requeima. Esta por sua vez, ficou no segundo grupo mais suscetível (grupo E) juntamente com outras quatro famílias. As testemunhas usadas como padrão de resistência ficaram em grupos distintos, sendo que a cultivar NC1 CEL B ficou no segundo grupo mais resistentes (grupo B) enquanto a NC 25 P no terceiro grupo mais resistente (grupo C). Isso se deve ao número de genes com dominância parcial a requeima que cada uma possui, com dois (Ph2 e Ph3) e um (Ph3) gene(s) respectivamente. O grupo A é formado por 57 famílias, que são as mais resistentes, sendo inclusive mais resistentes que as testemunhas NC1 CEL B e NC 25 P pelo teste Scott-Knott ao nível de 5 % de significância.

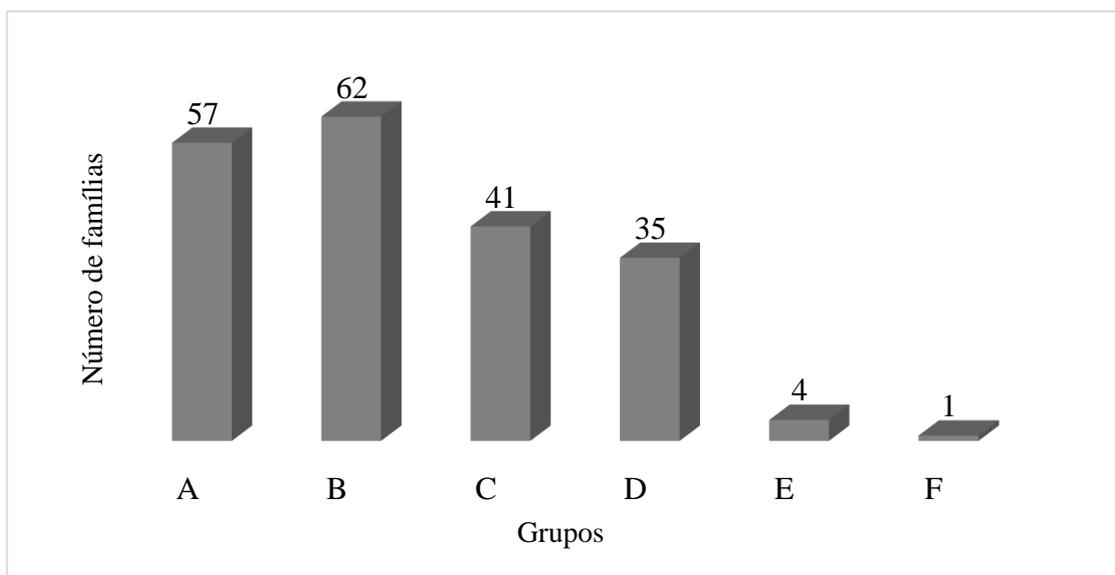


Figura 2: Grupos formados pelo teste Scott-Knott ao nível de 5% de significância nas médias corrigidas da AACPD.

O teste de Dunnett ao nível de 5% de significância (Tabela 1) demonstrou que onze famílias não diferiram estatisticamente da testemunha Santa Clara, padrão de suscetibilidade do experimento. Dessas onze, porém, cinco são estatisticamente iguais somente a cultivar Santa Clara, sendo essas as mais suscetíveis. Quando comparadas com a cultivar NC 25 P, 169 famílias apresentaram o mesmo nível de resistência a requeima. Já com relação a cultivar NC1 CEL BR, padrão de resistência, 187 famílias foram consideradas iguais estatisticamente, sendo que destas, 26 famílias foram iguais apenas a cultivar NC1 CEL BR. Uma vez que essa cultivar possui os dois genes de resistência, possivelmente, essas famílias também possuem esses genes e, dessa forma, são as mais resistentes dentre as avaliadas.

Tabela 1: Comparação de média da AACPD corrigida das famílias avaliadas com a média da AACPD das testemunhas intercaladas. *Testemunhas.

Famílias	AACPD corrigida	Famílias	AACPD corrigida	Famílias	AACPD corrigido
41	0,00 a	107	0,00 a	108	1,32 ab
42	0,00 a	109	0,00 a	129	1,67 ab
43	0,00 a	110	0,00 a	151	1,74 ab
44	0,00 a	112	0,00 a	145	1,74 ab
61	0,00 a	113	0,00 a	176	2,20 ab
83	0,00 a	130	0,00 a	62	2,28 ab
87	0,00 a	131	0,00 a	123	2,54 ab
88	0,00 a	132	0,00 a	167	2,72 ab
90	0,00 a	148	0,00 a	111	2,78 ab
91	0,00 a	172	0,00 a	175	2,95 ab
92	0,00 a	173	0,00 a	94	2,97 ab
93	0,00 a	170	0,70 a	63	3,34 ab
104	0,00 a	144	0,75 a	47	3,55 ab

Médias seguidas pela mesma letra não diferem pelo teste de Dunnett ao nível de 5 % de significância.

...Continuação da tabela 1...

80	3,64 ab	156	10,26 ab	136	17,17 ab
154	3,70 ab	81	10,26 ab	163	17,54 ab
169	4,06 ab	133	10,27 ab	128	17,74 ab
45	4,17 ab	185	10,37 ab	48	18,01 ab
29	4,75 ab	9	11,06 ab	179	18,13 ab
106	4,92 ab	142	11,07 ab	66	18,22 ab
190	4,96 ab	46	11,23 ab	146	18,63 ab
153	5,00 ab	34	11,57 ab	96	18,91 ab
86	5,05 ab	105	11,65 ab	193	18,95 ab
188	5,20 ab	183	11,82 ab	138	19,07 ab
184	5,39 ab	11	11,90 ab	52	19,53 ab
127	5,65 ab	25	11,93 ab	140	19,57 ab
171	5,81 ab	79	11,96 ab	97	19,68 ab
141	5,87 ab	72	11,97 ab	16	19,69 ab
103	6,05 ab	17	11,97 ab	189	19,78 ab
150	6,09 ab	NC1 CEL BR*	12,08 a	95	19,99 ab
182	6,24 ab	74	12,33 ab	14	20,41 ab
143	6,36 ab	155	12,41 ab	77	20,79 ab
28	6,50 ab	168	12,66 ab	68	20,94 ab
134	6,93 ab	70	12,71 ab	69	20,95 ab
19	6,95 ab	24	12,93 ab	10	21,04 ab
174	6,99 ab	18	13,06 ab	51	21,46 ab
1	7,09 ab	197	13,14 ab	39	21,79 ab
64	7,10 ab	162	13,14 ab	85	22,05 ab
166	7,32 ab	187	13,17 ab	55	22,12 ab
31	7,48 ab	2	13,27 ab	115	22,51 ab
32	7,54 ab	165	13,28 ab	117	22,95 ab
199	7,59 ab	30	13,51 ab	159	23,17 ab
13	7,63 ab	196	13,67 ab	23	23,18 ab
147	7,67 ab	180	14,24 ab	53	23,44 ab
181	7,71 ab	35	14,51 ab	161	23,50 ab
82	8,07 ab	194	14,57 ab	160	23,58 ab
101	8,28 ab	177	14,61 ab	54	23,90 ab
33	8,50 ab	73	14,75 ab	49	24,02 ab
78	8,70 ab	5	14,75 ab	157	24,12 ab
186	8,75 ab	65	14,76 ab	149	24,25 ab
76	9,03 ab	152	14,99 ab	75	24,35 ab
15	9,04 ab	195	15,10 ab	20	24,58 ab
40	9,10 ab	84	15,29 ab	58	24,86 ab
125	9,12 ab	26	15,34 ab	22	24,98 ab
191	9,16 ab	37	15,51 ab	6	25,07 ab
126	9,31 ab	NC 25 P*	15,79 b	158	25,17 ab
89	9,58 ab	198	16,22 ab	4	25,27 ab
200	9,61 ab	36	16,25 ab	71	25,29 ab
164	9,68 ab	121	16,31 ab	59	26,07 ab
27	9,80 ab	116	16,36 ab	56	26,48 ab
135	9,82 ab	178	16,37 ab	50	26,54 ab
102	10,13 ab	137	16,42 ab	60	26,60 ab
12	10,14 ab	7	17,01 ab	139	26,77 b
124	10,18 ab	21	17,02 ab	57	26,95 b
192	10,23 ab	114	17,13 ab	67	27,60 bc

Médias seguidas pela mesma letra não diferem pelo teste de Dunnett ao nível de 5 % de significância.

...Continuação da tabela 1...

38	27,62 bc	8	30,33 bc	99	40,56 c
98	27,80 bc	120	36,14 c	Santa Clara *	41,62 c
122	28,97 bc	118	37,25 c	100	55,58 c
119	29,34 bc	3	37,44 c		

Médias seguidas pela mesma letra não diferem pelo teste de Dunnett ao nível de 5 % de significância.

As famílias consideradas resistentes de acordo com os testes realizados foram selecionadas para dar continuidade ao programa de melhoramento do tomateiro para resistência a requeima afim de realizar a obtenção de linhagens. As famílias selecionadas são essas: 41, 42, 43, 44, 61, 83, 87, 88, 90, 91, 92, 93, 104, 107, 109, 110, 112, 113, 130, 131, 132, 144, 148, 170, 172, 173.

O trabalho, instalado no delineamento com testemunhas intercalares, permitiu avaliar a resistência a requeima de grande número de famílias de tomateiro sem a necessidade da repetição das mesmas. Comparando o delineamento em blocos com testemunhas intercalares (DTI) com o delineamento em blocos casualizados (DBC), Faleiro *et al.* (2002), avaliaram 154 linhagens endogâmicas recombinantes de feijoeiro-comum (*Phaseolus vulgaris* L.) e concluíram que houve pequenas diferenças nas estimativas das médias dos parâmetros avaliados em ambos experimentos, indicando equivalência dos dados para DBC e DTI. Cruz (2001), trabalhando com a seleção de famílias de milho pipoca avaliadas com testemunhas intercalares, concluiu que o DTI é prático e eficiente, podendo ser usado para facilitar trabalhos de melhoramento, mas não recomendou este delineamento para recomendação de variedade, pois neste caso deve-se repetir o ensaios 'r' vezes em 'l' locais.

4. CONCLUSÕES

- O delineamento em blocos com testemunhas intercalares foi eficaz para a seleção de famílias $F_{3:4}$ de tomateiro resistentes a requeima.
- Foi selecionado 26 famílias que prosseguirão no programa de melhoramento da cultura para obtenção de linhagens resistentes a requeima.

5. REFERÊNCIAS

- Adalid AM, Roselló S, Valcárcel M, Nuez F (2011) Analysis of the genetic control of β -carotene and l-ascorbic acid accumulation in an orange-brownish wild cherry tomato accession. *Euphytica* 184: 251–263.
- AGRIANUAL. Anuário da Agricultura Brasileira. FNP Consultoria e Agroinformativos, p. 435-439, 2016.
- Corrêa FM, Bueno Filho JSS, Carmo MGF (2009). Comparison of three diagrammatic keys for the quantification of late blight in tomato leaves. *Plant Pathology* 58: 1028-1033.
- Cruz CD (2016) Genes Software – extended and integrated with the R, Matlab and Selegen. *Acta Scientiarum* 38: 547-552.
- Cruz EM (2001) Seleção de famílias de milho-pipoca avaliadas com testemunhas intercalares. Tese de mestrado. Universidade Federal de Viçosa, Viçosa. 64p.
- Cruz CD, Carneiro PCS (2003) Desuniformidade no Campo Experimental - Uso de Testemunhas Intercalares. In: Cruz CD, Carneiro PCS (Ess). *Modelos Biométricos Aplicados ao Melhoramento Genético*. Viçosa, Editora UFV. p. 551 - 562.
- Duarte H, Zambolim L, Waldir W (2007) Manejo da requeima do tomateiro industrial empregando sistema de previsão. *Summa Phytopathol* 33: 328–334.
- Faleiro FG, Cruz CD, Castro C, Moreira MA, Barros EG (2002) Comparação de blocos casualizados e testemunhas intercalares na estimação de parâmetros genéticos em feijoeiro. *Pesquisa agropecuária brasileira*, 37: 1675-1680.
- FAOSTAT. Food and Agriculture Organization of the United Nations (2014). Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acessado em: 10 de outubro de 2017.
- Fiorini CVA, Silva DJH da, Silva FF, Mizubuti ESG, Alves DP, Cardoso TS (2010) Agrupamento de curvas de progresso de requeima, em tomateiro originado de cruzamento interespecífico. *Pesqui Agropecuária Bras* 45: 1095–1101.

- Filgueira FAR, Obeid PC, Morais HJ, Santos WV, Fontes RR (1999) Tomate tutorado. In: Ribeiro AC, Guimarães PTG, Alvarez VHV Recomendações para o uso de corretivos e fertilizantes em Minas Gerais - 5ª Aproximação. Viçosa, Editora SBCS. p. 187-188.
- Foolad MR, Merk HL, Ashrafi H (2008) Genetics, genomics and breeding of late blight and early blight resistance in tomato. *Critical Reviews in Plant Sciences* 27: 93-123.
- Nahar K, Ullah SM, Islam N (2011) Osmotic Adjustment and Quality Response of Five Tomato Cultivars (*Lycopersicon esculentum* Mill) Following Water Deficit Stress under Subtropical Climate. *Asian J Plant Sci* 10: 153–157.
- Palomo IG, Fuentes EQ, Carrasco GS, González DR, Moore-Carrasco R (2010) Actividad antioxidante, hipolipemiante y antiplaquetaria del tomate toamte (*Solanum lycopersicum* L.) y el efecto de su procesamiento y almacenaje. *Rev Chil Nutr* 37: 524–533.
- Park T-H, Vleeshouwers VGAA, Hutten RCB, Eck HJ, Vossen E, Jacobsen E, Visser RGF. (2005) High-resolution Mapping and Analysis of the Resistance Locus Rpi-abpt Against *Phytophthora infestans* in Potato. *Mol Breed* 16: 33–43.
- Waliszewski KN, Blasco G (2010) Nutraceutical properties of lycopene. *Salud Publica Mex* 52: 254–265.