

INSTITUTO AGRONÔMICO

**CURSO DE PÓS-GRADUAÇÃO EM
AGRICULTURA TROPICAL E SUBTROPICAL**

**OBTENÇÃO E SELEÇÃO DE HÍBRIDOS DE
TOMATE VISANDO À RESISTÊNCIA AO *Tomato
yellow vein streak virus (ToYVSV)***

FABRÍCIO FRANCO BACCAGLINI DOS SANTOS

**Orientadora: Arlete Marchi Tavares de Melo
Co-orientador: José Alberto Caram de Souza-Dias**

Dissertação submetida como requisito parcial para obtenção do grau de **Mestre** em Agricultura Tropical e Subtropical Área de Concentração em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia.

Campinas, SP
Abril 2009

Livros Grátis

<http://www.livrosgratis.com.br>

Milhares de livros grátis para download.

.....Muitas pessoas têm buscado sonhos que não são seus. A sociedade quer definir o que é certo, instituir que todos têm de ter sucesso, como se ele não tivesse significados individuais. A loucura é que você tem de estar feliz todos os dias, você tem que comprar tudo o que puder, você tem de fazer as coisas do jeito certo, jeito certo não existe, não há um caminho único para se fazer as coisas. As metas são interessantes para o sucesso, mas não para a felicidade. Felicidade não é uma meta, mas um estado de espírito. Aqui eu aprendi que a felicidade é feita de coisas pequenas!! Pense...medite...! Alguma coisa parece semelhante em tua vida?

Roberto Shinyashiki

Aos meus pais José dos Santos Filho
e Lina Meire Franco, à minha
querida esposa Michele
Cristine e à toda minha
querida família,

DEDICO

À Dra. Arlete, Dr. Caram e
Ms. Aílton cuja dedicação,
ensinamentos, incentivo,
apoio e amizade foram
indispensáveis nesta
etapa de minha vida,

OFEREÇO

AGRADECIMENTOS

- À Deus, pelo dom da vida, pela inteligência, discernimento e por tantas bênçãos concedidas;
- Ao Instituto Agronômico de Campinas (IAC) e ao Programa de Pós-Graduação em Agricultura Tropical e Subtropical, pela oportunidade para a realização do curso;
- À Prof. Dra. Arlete Marchi Tavares de Melo, pela orientação, confiança, ensinamentos, dedicação e, sobretudo, pela amizade e companheirismo;
- Ao Dr. José Alberto Caram de Souza-Dias, pela co-orientação, apoio constante, incentivo, ensinamentos, dedicação e amizade;
- Ao Ms. Aílton Ribeiro, pela orientação, confiança, apoio constante e inestimável colaboração, essencial para a realização desse trabalho;
- Ao Prof. Dr. Walter José Siqueira, pela colaboração, ensinamentos, apoio, amizade e companheirismo;
- À Dra. Maria Elisa A.G.Z. Paterniani, pelos ensinamentos, apoio, amizade e pela inestimável colaboração nas análises genético-estatísticas;
- À Dra. Haiko Enok Sawazaki, pelo apoio, ensinamentos, amizade e colaboração nas análises moleculares;
- Ao Dr. Alisson Fernando Chiorato, pelo auxílio, ensinamentos, apoio, amizade e colaboração nas análises estatísticas;
- Ao doutorando Eliel Alves Ferreira e à mestre Cristina Bambozzi Marchesan, pela inestimável colaboração nas análises genéticas com o programa Genes, essencial para a realização deste trabalho;
- Ao pesquisador Dr. Walter Fernando Bernardi, pelo apoio, colaboração, ensinamentos, amizade e companheirismo;
- Aos professores da pós-graduação do IAC pelos conhecimentos transmitidos durante as disciplinas ministradas;
- Às funcionárias da Pós-Graduação-IAC Adilza, Célia e Beth, pelo excelente trabalho realizado junto aos alunos da pós-graduação, destacando a amizade e paciência.
- Aos funcionários da Camargo, em Paulínia, SP, pelo grande apoio na execução deste trabalho e, sobretudo, pela amizade e companheirismo;
- Aos amigos Mário Sérgio Sigrist, Marcos Ribeiro Bottignon e Fernanda Raquel Camilo dos Santos, pelas horas de descontração, amizade, apoio e companheirismo;
- Aos meus pais José dos Santos Filho e Lina Meire Franco, por acreditarem na minha capacidade e por sempre me incentivarem a dedicar-me aos estudos;
- À minha querida esposa Michele Cristine, pelo carinho, companheirismo, amor, incentivo e paciência, dividindo momentos alegres e difíceis de nossa vida;
- À todos, enfim, o meu sincero reconhecimento pela colaboração e participação direta ou indireta neste importante trabalho.

BIOGRAFIA

Fabrcio Franco Baccaglini dos Santos, filho de Jos dos Santos Filho e Lina Meire Franco, nascido em Guaxup, MG, em 19 de dezembro de 1978.

No perodo de 1994 a 1996, cursou a Escola Agrotcnica Federal de Muzambinho, MG (E.A.F.Mz), obtendo o ttulo de Tcnico em Agropecuria.

Em 2000, iniciou seus trabalhos na Estcao Agrcola Experimental da Bayer CropScience, em Paulnia, SP, onde dedicou-se, durante dois anos,  trabalhos com pesquisa e desenvolvimento de fungicidas para plantas. Atualmente, desenvolve atividades na Bayer BioScience na diviso Nunhems do Brasil Comrcio de Sementes Ltda., como assistente de melhoramento gentico para tomate de mercado fresco.

No perodo de 2003 a 2006, cursou a Pontifcia Universidade Catlica de Campinas, SP (Puccamp), obtendo o ttulo de Licenciatura e Bacharelado em Cincias Biolgicas.

Ingressou no programa de Ps-graduao de mestrado em gentica, melhoramento vegetal e biotecnologia do Instituto Agronmico de Campinas, SP - IAC em maro de 2007, sob orientao de Dra. Arlete Marchi Tavares de Melo e co-orientao de Dr. Jos Alberto Caram de Souza-Dias, defendendo a dissertao em 24 de abril de 2009.

SUMÁRIO

ÍNDICE DE TABELAS	vii
LISTA DE FIGURAS	ix
RESUMO	x
ABSTRACT	xi
1 INTRODUÇÃO	1
2 REVISÃO DE LITERATURA	3
2.1 O Tomateiro	3
2.1.1 Origem e história	3
2.1.2 Taxonomia, classificação e características	4
2.1.3 Produção da tomaticultura brasileira e mundial	5
2.2 Mosca-branca	7
2.3 Geminivírus	9
2.3.1 Geminivírus no Brasil	10
2.3.2 Sintomatologia e danos	11
2.3.3 Transmissão de geminivírus	11
2.3.4 Controle do geminivírus	12
2.4 Melhoramento Genético	12
2.4.1 Resistência ao ToYVSV	12
2.4.2 Cruzamentos dialélicos	16
2.4.3 Capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação	19
2.4.4 Heterose	20
3 MATERIAL E MÉTODOS	23
3.1 Origem dos Genitores e Obtenção dos Híbridos Experimentais F ₁	23
3.2 Fonte, Manutenção e Caracterização Molecular do Isolado de ToYVSV	26
3.3 Delineamento Experimental e Avaliação dos Híbridos Experimentais	27
3.3.1 Avaliação da resistência ao isolado de ToYVSV	27
3.3.2 Transmissão do patógeno	27
3.3.3 Desempenho agrônômico dos híbridos experimentais	31
3.4 Análises Genético-Estatísticas	32
3.4.1 Análise de variância	32
3.4.2 Análise dialélica parcial	34
3.4.3 Estimativas da heterose-padrão	35
4 RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4.1 Reação dos Híbridos F ₁ ao Isolado de ToYVSV	37
4.1.1 Análise de variância	37
4.2 Análise Dialélica Parcial	41
4.2.1 Análise de variância	41
4.2.2 Efeitos da capacidade geral de combinação	44
4.2.3 Efeitos da capacidade específica de combinação	45
4.2.4 Estimativas de heterose-padrão	47
4.3 Desempenho Agrônômico dos Híbridos Experimentais	50
5 CONCLUSÕES	59
6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS	60
7 ANEXOS	75

ÍNDICE DE TABELAS

Tabela 1 -	Características de resistência e suscetibilidade dos genitores e testemunhas utilizados nos cruzamentos para obtenção de híbridos experimentais resistentes ao <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV.....	24
Tabela 2 -	Fontes resistentes e suscetíveis, híbridos experimentais F ₁ e testemunhas de tomate do segmento salada avaliados para resistência ao <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV	28
Tabela 3 -	Esquema da análise de variância em blocos casualizados com as esperanças dos quadrados médios (QM) da reação de resistência ao <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV e do desempenho agrônômico de híbridos de tomate de mesa do segmento salada ...	33
Tabela 4 -	Esquema da análise de variância para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) de linhagens (genótipos) de tomate do segmento salada quanto à reação de resistência ao <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV	35
Tabela 5 -	Resumo da análise da variância dos dados de porcentagem de plantas sem sintomas do geminivírus <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV em híbridos de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008	37
Tabela 6 -	Médias de porcentagem de plantas sem sintomas de geminivírus <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV em híbridos experimentais (HE) de tomate de mesa. Paulínia, SP, 2008	39
Tabela 7 -	Resumo da análise da variância dos dados de porcentagem de plantas sem sintomas do geminivírus <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV em híbridos de tomate de mesa do grupo salada obtidos de cruzamentos entre linhagens resistentes e suscetíveis. Paulínia, SP, 2008	42
Tabela 8 -	Quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) para os grupos I e II, e da capacidade específica de combinação (CEC) de um dialelo parcial de tomate de mesa visando resistência ao geminivírus <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV. Paulínia, SP, 2008	43
Tabela 9 -	Estimativas dos efeitos da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de genitores resistentes e suscetíveis de tomate de mesa visando resistência ao geminivírus <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV. Paulínia, SP, 2008	45

Tabela 10 - Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos experimentais entre linhagens resistentes e suscetíveis de tomate de mesa visando resistência ao geminivírus <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV. Paulínia, SP, 2008 ...	46
Tabela 11 - Médias de porcentagem de plantas sem sintomas do geminivírus <i>Tomato yellow vein streak virus</i> - ToYVSV e heterose-padrão (H_{hp}) em híbridos experimentais (HE) de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008	48
Tabela 12 - Quadrados médios da análise de variância de sete caracteres agronômicos ¹ de fruto e planta de híbridos de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008	50
Tabela 13 - Médias de produção de frutos por planta (PF), número de frutos por planta (NF), comprimento do fruto (CF) e largura do fruto (LF), de híbridos experimentais de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008	52
Tabela 14 - Médias de número de pencas por planta (NP), altura de planta (AP) e distância entre a primeira penca e o solo (DP) de híbridos experimentais de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008	55
Tabela 15 - Médias de produção de frutos por planta (PF) e heterose-padrão (H_{hp}) em híbridos experimentais (HE) de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008	56

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1 - Etapas de obtenção dos híbridos de tomate. (A e B) Plantio e condução dos genitores; (C) Cruzamentos; (D) Frutos cruzados. Paulínia, SP, 2007	25
Figura 2 - Gaiola contendo população de mosca-branca (<i>Bemisia tabaci</i>) biótipo B infectada com isolado de <i>Tomato yellow vein streak virus</i> (ToYVSV) em plantas hospedeiras de tomate e couve-de-folhas. Paulínia, SP, 2007	26
Figura 3 - Transmissão do isolado de <i>Tomato yellow vein streak virus</i> (ToYVSV) para as mudas de tomate, por meio de mosca-branca (<i>Bemisia tabaci</i>) biótipo B infectadas e mantidas em plantas de tomate e berinjela em condição controlada (<i>cages</i>). Paulínia, SP, 2008.....	29
Figura 4 - Plantio das mudas de tomate inoculadas com o isolado de <i>Tomato yellow vein streak virus</i> (ToYVSV). Paulínia, SP, 2007	30
Figura 5 - Sintomas foliares do geminivírus de <i>Tomato yellow vein streak virus</i> (ToYVSV). (A) Plantas sem sintomas; (B), (C) e (D) Plantas com sintomas. Paulínia, SP, 2008	31
Figura 6 - Avaliação dos híbridos experimentais em condição de campo. Paulínia, SP, 2008	53

SANTOS, Fabrício Franco Baccaglini dos. **Obtenção e seleção de híbridos de tomate visando à resistência ao *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV)**. 2009. 75f. Dissertação (Mestrado em Genética, Melhoramento Vegetal e Biotecnologia) – Pós-Graduação – IAC.

RESUMO

Os objetivos do trabalho foram obter e selecionar híbridos F₁ de tomate, *Solanum lycopersicum*, do grupo salada visando à resistência ao *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV) e avaliar seu desempenho agrônômico. Conduziu-se o estudo no Centro de Horticultura, IAC, em Campinas, SP e na Estação Experimental da Nunhems do Brasil, em Paulínia, SP, no período de março de 2007 a dezembro de 2008. Obtiveram-se híbridos entre linhagens do BAG de tomate da Nunhems, selecionadas pela resistência e suscetibilidade ao ToYVSV. Utilizou-se um isolado de geminivírus coletado de plantas de tomate 'Alambra' na região de Sumaré, SP e caracterizado como ToYVSV. A transmissão do patógeno foi feita 15 dias após a semeadura (em condições controladas) com alta pressão de inóculo. O delineamento experimental foi de blocos completos ao acaso, com 50 tratamentos e três repetições. Para as análises genético-estatísticas, adotou-se o método experimental 4 proposto por Griffing, adaptado para dialelo parcial e calculou-se a heterose. Nas avaliações da reação das plantas ao ToYVSV, destacaram-se os híbridos HE-15 e HE-5, respectivamente, com 88,22 e 87,52 % de plantas sem sintomas e com 4,48 e 3,55 % de heterose em relação ao híbrido padrão. Houve diferenças estatísticas entre as estimativas dos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), indicando que houve divergência entre as linhagens e que os efeitos aditivos e os não aditivos foram importantes para a expressão da resistência ao ToYVSV. Nas estimativas de capacidade geral de combinação, as linhagens que mais contribuíram para o aumento da resistência foram 07-4043-2, 06-4567-1 e 06-4572-2. Os híbridos HE-31, HE-17, HE-30 e HE-37 apresentaram a melhor capacidade específica de combinação. Os híbridos mais promissores para resistência, foram os híbridos HE-17 e HE-37, devido ao seu alto valor de CEC e à alta CGC do genitor 07-4158. Com base no agrupamento de médias, o desempenho agrônômico dos híbridos mostrou variabilidade entre os genótipos para comprimento e largura do fruto, produção de frutos por planta e altura da planta. Para heterose-padrão destacaram-se os híbridos HE-38 e HE-14.

Palavras-chave: *Solanum lycopersicum*, dialelo, capacidade geral de combinação, capacidade específica de combinação, heterose, melhoramento genético, hortaliça.

SANTOS, Fabrício Franco Baccaglini dos. **Tomato hybrids production and selection for resistance to *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV)**. 2009. 75f. Dissertation (Master's degree in Genetic, Plant Breeding and Biotechnology) – Pos-Graduation – IAC.

ABSTRACT

The present study aims to obtain and to select F₁ hybrids of fresh tomato (*Solanum lycopersicum*) resistant to *Tomato yellow vein streak virus* – ToYVSV and to evaluate agronomic attributes. The study was carried out in Horticultural Center, IAC, located in Campinas, SP, and at Nunhems Experimental Station, located in Paulínia, SP from April 2007 to December 2008. Experimental hybrids were obtained using inbred lines resistant to ToYVSV, as well as susceptible ones, from Nunhems tomato germplasm collection. The geminivirus isolate used in this study was collected in Sumaré, SP from tomato plants and it was characterized as ToYVSV. The transmission of the pathogen was carried out in the seedling stage under controlled conditions and with high pressure of inoculum. The experimental design was randomized complete block with 50 treatments and three replications. Genetic and statistical analysis adopted was the method 4 by Griffing, adapted for partial diallel and heterosis was obtained. Regarding to ToYVSV reaction HE-15 and HE-5 showed the best results and outperformed the standard, respectively with 88.22 and 87.52% of plants without symptoms and with 4.48 and 3.55% of heterosis. There were statistical differences for GCA and SCA effects, indicating that there was divergence between the genitors and that the additive and non-additive effects were important for the expression of resistance to ToYVSV. The lines 07-4043-2, 06-4567-1, and 06-4572-2 stood out as good combiners for having a greater general combining ability contributing to the increase of resistance. The hybrids HE-31, HE-17, HE-30, and HE-37 showed the best specific combining ability estimates. HE-17 and HE-37 were chosen as the most promising lines for resistance to ToYVSV in order to their high values of SCA, and high GCA of the parental 07-4158. Based on the grouping of means, the performance of hybrids for seven agronomic traits evaluated showed great variability among genotypes for fruit length and width. There was good variability for some agronomic traits, and little divergence for others characters evaluated. HE-38 and HE-14 outperformed the standard Aplauso for fruit yield per plant.

Keywords: *Solanum lycopersicum*, diallel, general combining ability, specific combining ability, heterosis, breeding, vegetable.

1 INTRODUÇÃO

O tomate (*Solanum lycopersicum* L.) é originário da América do Sul e pesquisas apontam que já era cultivado pelos incas e astecas há cerca de 1300 anos. Bolívia, Chile, Equador e Peru destacam-se como centros de distribuição dessa hortaliça (CURRENCE, 1963).

O tomate pode ser cultivado em regiões tropicais e subtropicais no mundo inteiro, tanto para consumo *in natura*, no cultivo envarado, como para a indústria de processamento, através do cultivo rasteiro, destacando-se como a segunda hortaliça mais cultivada no mundo sendo superada apenas pela batata.

A produção de tomate no Brasil, em 2006, envolvendo ambos os segmentos, processamento e mesa, alcançou 3,2 milhões de toneladas, sendo a região Sudeste a maior produtora, responsável por mais de 47% do total produzido, com destaque para o Estado de São Paulo, representando 60% da produção da região Sudeste. A segunda maior região produtora é a Centro-Oeste, que apresentou uma participação de 24% da produção nacional no mesmo ano. O Estado de Goiás é o maior produtor do Brasil, em 2006 produziu uma safra de 759.706 toneladas de tomate, equivalente a 23% da produção nacional (AGRIANUAL, 2008).

Sendo uma hortaliça intensa e extensivamente cultivada, o tomateiro é afetado por inúmeros patógenos que reduzem sua produtividade entre eles os vírus. A literatura registra pelo menos 37 diferentes espécies de vírus de importância econômica nessa cultura. Desses, pelo menos 17 pertencem ao gênero *Begomovirus* e têm a mosca-branca (*Bemisia tabaci*) como vetora. A importância desse grupo de vírus aumentou consideravelmente desde o final da década de 80 (POLSTRON & ANDERSON, 1997).

No Brasil, o primeiro relato de geminivírus infectando tomateiro foi feito por COSTA et al. (1977), que estudaram a transmissão do mosaico dourado ou chita pela mosca-branca (*B. tabaci*), que era uma das seis viroses do tomateiro reconhecidas presentemente na época. Com a introdução de *B. argentifolii*, também como *B. tabaci* biótipo B, nas regiões Sudeste, Centro-Oeste e Nordeste (HAJI et al., 1997), novos surtos dessas viroses têm sido observados. No estado de São Paulo, um geminivírus com características diferentes do *Tomato golden mosaic virus* - TGMV, denominado *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV, foi descrito por FARIA et al. (1997).

Uma maneira eficiente para amenizar o problema é a identificação de fontes de resistência às espécies de geminivírus que ocorrem no país, em outras espécies do gênero *Solanum*. Essas fontes de resistência podem ser incluídas em programas de melhoramento genético visando à obtenção de linhagens resistentes e tolerantes (FARIA et al., 2000). Por meio de cruzamentos dialélicos, é possível identificar e selecionar de maneira eficiente os melhores genitores.

Segundo CRUZ & REGAZZI, (1997), a análise genética por meio de dialelos fornece parâmetros para a seleção de genitores para hibridação e para o entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres, levando ao conhecimento das relações genéticas entre os genitores envolvidos nos cruzamentos.

A avaliação de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) são importantes na constituição das populações-base nos programas de melhoramento genético, sendo bastante eficientes na avaliação de cultivares e na indicação das melhores combinações híbridas (RAMALHO et al., 1993).

O trabalho teve por objetivos obter e selecionar híbridos experimentais F₁ de tomate de mesa do grupo salada visando resistência ao *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV) e avaliar o desempenho agrônômico dos híbridos F₁.

2 REVISÃO DE LITERATURA

2.1 O Tomateiro

2.1.1 Origem e história

Todos os estudos afirmam que as espécies selvagens de tomate são nativas da região andina que abrange parte do Chile, Colômbia, Equador, Bolívia e Peru. Embora as formas ancestrais de tomate sejam originárias dessa área, sua ampla domesticação se deu no México, chamado de centro de origem secundário.

Seu ancestral selvagem é *L. esculentum* var. *cerasiforme* (tomate cereja), que é indígena de toda América tropical e subtropical. Todas as espécies têm amplitudes de distribuição bem definidas, exceto *L. esculentum* var. *cerasiforme*, o único tomate selvagem encontrado fora da área de distribuição do gênero no centro de origem (WARNOCK, 1988).

A introdução do tomate na Europa foi feita pelos espanhóis no início do século XVI e sua aceitação como uma cultura cultivada e a sua inclusão no preparo como alimento foi relativamente lenta, ficando seu uso restrito à região de origem por quase dois séculos (HARVEY et al., 2002). Inicialmente, o tomateiro era cultivado apenas como planta ornamental, pois seus frutos eram considerados venenosos, devido a sua cor avermelhada, intimamente relacionada, à época, com perigo e morte. Sabe-se hoje que o tomate contém um alcalóide, a tomatina, que se encontra em elevada concentração nas folhas e nos frutos verdes e que se degrada em componentes inertes nos frutos maduros (FILGUEIRA, 2000). Existem evidências de que os italianos foram os primeiros a cultivar o tomate, por volta de 1550, inicialmente pela curiosidade e valor ornamental de seus frutos (FILGUEIRA, 2000). Em meados do século XVI, já aceito para consumo, passou a ser cultivado e consumido no sul da Europa, e só tornou-se popular no norte da Europa e Ocidente no final do século XVIII (HARVEY et al., 2002). No século XVII, os europeus enviaram o tomate para a China e países do sul e sudeste asiático e, no século XVIII, para o Japão e os EUA.

De acordo com HARVEY et al. (2002), a produção e o consumo de tomate rapidamente estendeu-se para os Estados Unidos, no século XIX, e, até ao final desse século, seus produtos derivados na forma de sopas, molhos, bebidas e catchup já eram consumidos regularmente.

No Brasil, seu hábito de consumo foi introduzido por imigrantes europeus no final do século XIX. Hoje, a cultura está espalhada por todo o mundo. O tomate

começou a ter relevância mundial a partir de 1900 e, atualmente, é o segundo produto olerícola mais cultivado no mundo, sendo a quantidade produzida superada apenas pela batata, que juntamente com a cebola e o alho são os alimentos mais industrializados (FILGUEIRA, 2000).

O tomate é uma das espécies de maior importância em todo mundo e apresenta diferentes segmentos para atender às mais diversas demandas desse importante mercado (MELO, 1989; SILVA & GIORDANO, 2000).

2.1.2 Taxonomia, classificação e características

O tomate pertence à ordem Tubiflorae, família Solanaceae e ao gênero *Solanum*. A primeira denominação científica do tomateiro foi dada em 1694 por TOURNEFORT (1694), *apud* PERALTA et al. (2006) que o classificou genericamente de *Lycopersicon* que significa “pêssego de lobo” na língua grega. Por sua vez, LINNAEUS (1753), *apud* PERALTA et al. (2006) usando o sistema binomial, reclassificou o tomate como sendo do gênero *Solanum*. MILLER (1754), *apud* PERALTA et al. (2006) descreveu e reclassificou o gênero como *Lycopersicon* e, mais tarde, novamente MILLER (1768), *apud* PERALTA et al. (2006), descreveu várias espécies, incluindo o tomate cultivado, que chamou de *L. esculentum*. Na sequência, diversos estudos mostraram alta correlação genética entre *Lycopersicon esculentum* e espécies do gênero *Solanum* e o tomateiro foi reclassificado como *Solanum esculentum*. Atualmente, com base em evidências obtidas a partir de estudos filogenéticos utilizando seqüência de DNA (SPOONER et al., 2005) e estudos mais aprofundados de morfologia e de distribuição das plantas, há ampla aceitação entre taxonomistas, melhoristas e geneticistas da nomenclatura *S. lycopersicum* (WARNOCK, 1988; PERALTA et al., 2001; SPOONER et al., 2003; PERALTA et al., 2006), conforme consta no Code of Nomenclature for Cultivated Plants (BRICKELL et al., 2004).

De acordo com FILGUEIRA (2000), o tomateiro é uma solanácea herbácea, de caule flexível, piloso, cuja arquitetura natural lembra uma moita, com abundante ramificação lateral. Essa arquitetura pode ser profundamente modificada pela poda, condicionando o tipo de cultura, de indústria no cultivo rasteiro ou para consumo fresco, no cultivo envarado ou estaqueado.

A arquitetura do tomateiro é caracterizada por dois tipos de hábito de crescimento. O tipo indeterminado ocorre na maioria das cultivares para a produção de frutos para mesa, que são tutoradas e podadas e cujo caule pode ultrapassar dois metros

de altura. O hábito determinado é característico das cultivares adaptadas especialmente para a cultura rasteira, cujos frutos destinam-se para a agroindústria e suas hastes atingem cerca de um metro de altura (FILGUEIRA, 2000).

De acordo com SILVA & GIORDANO (2000) suas flores são pequenas e amarelas, formato de cachos ou racemo e são hermafroditas, o que aumenta a taxa de autopolinização. Possui inflorescência cimeira de formas simples, bifurcadas ou ramificadas. Em temperaturas diurnas de 18°C a 25°C e noturnas de 13°C a 24°C, observa-se o melhor desempenho produtivo das plantas. O número de flores e o pegamento do fruto são intimamente influenciados por temperatura abaixo ou acima dos limites indicados para seu cultivo, logo, a qualidade e quantidade de fruto é afetada com a permanência de temperatura acima de 28°C, prejudicando a firmeza e a cor dos frutos, que permanecem amarelados devido a inibição da síntese de licopeno e outros pigmentos de coloração avermelhada.

Segundo MELO (1989) o fruto do tomateiro é do tipo baga, com diferentes tamanhos e formato, constituindo-se de película, polpa, placenta e sementes. Internamente, é dividido em lóculos onde as sementes encontram-se imersas na mucilagem placentária e, dependendo da cultivar, os frutos podem ser biloculares, triloculares, tetraloculares ou pluriloculares.

O formato do fruto define os tipos varietais do tomate de mesa no Brasil. Atualmente, consideram-se seis segmentos principais: santa cruz, salada ou saladete, caqui, italiano, cereja e penca (FERREIRA et al., 2004).

2.1.3 Produção da tomaticultura brasileira e mundial

A cultura do tomate é formada por duas cadeias produtivas distintas, caracterizadas pelos segmentos de mesa, destinado ao consumo *in natura*, e de indústria, destinado ao processamento. Cada cadeia produtiva possui características intrínsecas na produção, beneficiamento, processamento e comercialização, desde as cultivares utilizadas até as formas de cultivo e consumo final.

O tomate é uma hortaliça que faz parte, diariamente, da dieta alimentar da maioria da população brasileira. Dentre as hortaliças, é uma das culturas mais importantes, não apenas em produção, mas também em valor sócio-econômico. É a hortaliça mais industrializada, empregando grandes contingentes de mão-de-obra, com um mercado de derivados que explora principalmente a produção de extratos, molhos prontos e catchup (KROSS et al., 2001).

Nas três últimas décadas houve acréscimo de produção, com maior contribuição da produtividade do tomate industrial devido à utilização de cultivares e híbridos mais produtivos, enquanto que na produção de tomate para consumo *in natura* a expansão acompanhou apenas o crescimento populacional (FAOSTAT, 2008).

A safra mundial de tomate, em 2006-07, totalizou 126,1 milhões de toneladas, a área cultivada foi de 4,62 milhões de hectares com rendimento médio de 27,3 t/ha. O maior produtor mundial de tomate é a China (34,35%), seguida pelos EUA (8,80%), Turquia (7,87%) e Índia (6,80%). A China tem, ainda, a maior área cultivada (31,38%), seguida por Índia (10,36%), Turquia (5,80%), Egito (4,20%) e EUA (3,79%). O Brasil foi o nono maior produtor mundial (1,23%) o 14º em área cultivada (2,67%) e o sexto em produtividade, com rendimento médio de 59,4 t/ha, valor 117,53% maior que a média mundial (FAOSTAT, 2008).

Entre 1983-85 e 2003-05, a produção mundial *per capita* de tomate cresceu 36%, passando de 14 kg para 19 kg por habitante por ano, de acordo com dados da Organização das Nações Unidas para Agricultura e Alimentação (FAOSTAT, 2008).

No Brasil, o tomateiro é amplamente cultivado, praticamente em todos os estados, mas sua produção destaca-se nas regiões sudeste e Centro-Oeste. O período de plantio é peculiar para cada região geográfica, em função das condições climáticas (FILGUEIRA, 2000).

Na safra 2007-08, a área cultivada no Brasil foi de 57,5 mil hectares, com rendimento médio de 60 t/ha, representando um ganho de produtividade de 0,56% sobre a safra de 2006-07 e de 4,54% sobre a safra de 2005-06 (FAOSTAT, 2008).

Em termos de volume, a produção brasileira, na safra 2007-08, foi de 3,45 milhões de toneladas, valor 3% maior que o obtido com a safra 2006-07. Os Estados com maior participação na safra nacional foram Goiás (26,67%), São Paulo (22,29%) e Minas Gerais (13,37%). A safra brasileira 2007-08 apresentou 2,41% de expansão na área cultivada em relação à de 2006/07, e de 0,91% em relação à safra 2005-06 (FAOSTAT, 2008).

A cultura do tomateiro acumulou muitos ganhos genéticos com o melhoramento de plantas, sendo cultivada em regiões mais remotas do mundo, apesar disso, apresenta muitos problemas, principalmente fitossanitários.

2.2 Mosca-branca

A mosca-branca (*Bemisia tabaci* Genn.) foi descrita por Gennadius em 1889 na Grécia, sendo coletada em cultura de fumo (*Nicotiana* sp.), é considerada uma espécie cosmopolita e tem como provável centro de origem o Oriente e tem sido introduzida em diversas partes do mundo através do comércio e transporte de plantas ornamentais pelo homem (BROWN et al., 1995).

É um inseto pertencente à ordem Hemiptera, subordem Homoptera, família Aleyrodidae, com 126 gêneros e 1156 espécies (SALGUERO, 1993).

Sua distribuição está relacionada à expansão da monocultura, às condições de sistemas agrícolas modernos, aumento da utilização de agrotóxicos e sua adaptação em diversos tipos de hospedeiros (BROWN et al., 1995).

Geralmente, adultos de mosca-branca voam cerca de 3 a 4 metros de distância, porém pode chegar até a 300 metros embora não seja comum. A velocidade de dispersão da mosca-branca pode atingir sete quilômetros por dia, sempre utilizando o vento para sua locomoção (HAJI et al., 1997). Este fato faz com que grandes populações possam sobreviver, colonizar novos ambientes, culturas e principalmente adaptar-se a diferentes hospedeiros e condições climáticas adversas, destacando a temperatura, que é o principal agente externo que influencia a metamorfose progressiva da mosca-branca, fazendo com que o seu ciclo de vida possa variar de 15 a 25 dias (BUTLER & HENNEBERRY, 1985).

B. tabaci pode ocasionar dois tipos de danos: direto, na planta pela sucção de seiva e ação toxicogênica, além da liberação de secreções açucaradas, favorecendo o desenvolvimento de fumagina sobre frutos e folhas reduzindo o processo de fotossíntese da planta, e indireto, pela transmissão de vírus, principalmente os pertencentes ao grupo geminivírus (SALGUERO, 1993).

Externamente os danos causados pela mosca-branca, através de anomalias ou desordens fitotóxicas são caracterizadas pelo amadurecimento irregular dos frutos, causados pela injeção de toxinas durante a alimentação do inseto, e internamente os frutos apresentam-se esbranquiçados com aspecto esponjoso ou “isoporizados”, com desuniformidade na maturação dos frutos criando uma dificuldade no reconhecimento do ponto de colheita e redução na produção (LOURENÇÃO & NAGAI, 1994).

No Novo Mundo antes de 1986, *B. tabaci* era considerada uma praga para um número limitado de culturas (fumo, algodão, batata, feijão e soja). No entanto, depois de

1986 houve um aumento súbito da população de mosca-branca mudando este conceito (OSBORNE, 1988).

O aumento da importância de *B. tabaci* no continente americano deveu-se à introdução e dispersão de um novo biótipo, no Hemisfério Norte, onde em 1980, foi registrado o aparecimento deste biótipo, designado B, seguido pela alta incidência de geminiviruses na Flórida, como *Tomato mottle virus* (ToMV), *Cabbage leaf curl virus* (CabLCV), *Bean golden mosaic virus* (BGMV), entre outras que infectam hortaliças no Caribe, México e América Central (HIEBERT et al., 1996). No Brasil, *B. tabaci* é conhecida desde 1923 (BONDAR, 1928).

No início da década de 90, possivelmente através da importação de material vegetal, o biótipo B foi introduzido no Brasil, sendo constatadas altas populações no estado de São Paulo, nos municípios de Paulínia, Holambra, Jaguariúna e Artur Nogueira, na região de Campinas (LOURENÇÃO & NAGAI, 1994). Na região de Sumaré e em outros locais do estado de São Paulo SOUZA-DIAS & SAWASAKY (2004) relataram que *B. tabaci* biótipo B tem transmitido o *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV) de tomates infectados para plantas de batata.

O primeiro relato de geminivírus em *L. esculentum* foi em Israel (COHEN & HARPAZ, 1964). Desde então, *B. tabaci* foi reconhecida como uma praga de plantações em países tropicais e subtropicais, possuindo uma grande variedade de plantas hospedeiras, envolvendo 506 espécies de plantas predominantemente anuais e herbáceas, pertencentes a 74 famílias botânicas (SALGUERO, 1993).

B. tabaci é considerada a mais comum e importante mosca-branca vetora de fitoviruses e a única transmissora de geminivírus (HARRISON, 1985). A mosca-branca transmissora de geminivírus para espécies hortícolas, especialmente para solanáceas, cucurbitáceas e algumas espécies ornamentais foi denominada de *B. argentifolii* por BELLOWS & PERRING (1994) e também é chamada de *B. tabaci* biótipo B. É capaz de desenvolver biótipos com características morfológicas similares à espécie original, no entanto, com diferentes hábitos, habilidade reprodutiva, capacidade de adaptação a novas espécies de plantas hospedeiras e a condições adversas (SALGUERO, 1993). A mutação e a troca genética são as fontes primárias da variação genética em populações de mosca-branca, fornecendo uma grande capacidade de adaptação ambiental (GARCÍA-ANDRÉS et al., 2007).

2.3 Geminivírus

O nome geminivírus foi proposto por HARRISON et al. (1977) que pertence à família Geminiviridae, composta pelos gêneros *Mastrevirus*, *Curtovirus*, *Begomovirus* e *Topocuvirus* (RYBICKI, 1994; VAN REGENMORTEL et al., 2000; FAUQUET et al., 2005).

Os geminivírus são constituídos por uma estrutura denominada de capsídeo viral, que é formado por dois icosaedros incompletos geminados, com genoma composto por DNA circular de fita simples (ssDNA), que se replica no núcleo de células infectadas via forma replicativa intermediária de DNA de fita dupla (FARIA et al., 2000). O genoma dos geminivírus pode ser mono ou bipartido, cujos genes são arranjados em dois grupos divergentes de 280 a 350 nucleotídeos, cada um separado por uma região intergênica (LAZAROWITZ, 1992).

O genoma bipartido do gênero *Begomovirus* tem de cinco a sete genes distribuídos em dois componentes, DNA-A e DNA-B. O componente A contém genes envolvidos na replicação do vírus e no encapsulamento, e o componente B contém genes relacionados com a movimentação do vírus (LAZAROWITZ, 1992). Segundo FERNANDES et al. (2006), ambos os componentes, DNA-A e DNA-B são necessários para que ocorra a infecção sistêmica nas plantas hospedeiras.

Análises de seqüências genômicas revelaram que a recombinação de genes desempenhou um papel importante na diversidade genética dos begomovírus, os quais exploram o fluxo genético fornecido pela recombinação, como um importante mecanismo para aumentar a sua adaptação potencial e local evolutiva (MONCI et al., 2002; ROJAS et al., 2005; SANZ et al., 2000).

Os geminivírus que afetam o tomateiro pertencem ao gênero *Begomovirus* e são transmitidos por mosca-branca (*B. tabaci*) para dicotiledôneas e têm causado grandes prejuízos em cultivos em regiões tropicais e subtropicais em todo o mundo (LAZAROWITZ, 1992).

A importância fitopatogênica da família Geminiviridae é evidente, pois viroses causadas por espécies dessa família emergem no mundo todo, causando severos danos econômicos em importantes culturas (FARGETTE et al., 2006).

2.3.1 Geminivírus no Brasil

Atualmente, *Begomovirus* é um gênero importante, com mais de 100 espécies de vírus identificadas (FAUGUET & STANLEY, 2003).

No Brasil, há vários relatos da ocorrência de geminivírus em tomateiro. Além de COSTA et al. (1977), em São Paulo, FARIA et al. (2000) registraram sua presença no Distrito Federal e nos estados de Minas Gerais, Rio de Janeiro, Ceará, Sergipe e Goiás. Por sua vez, LIMA (1998) observaram o vírus no Submédio do Vale São Francisco que causou perdas estimadas em até 100% em algumas áreas.

O impacto do biótipo B na agricultura, fez-se sentir inicialmente em 1991, no estado de São Paulo principalmente nos cultivos de tomate, berinjela, abóbora, algodão e algumas plantas ornamentais associadas a desordens e anomalias que a caracterizavam (LOURENÇÃO & NAGAI, 1994).

RIBEIRO et al. (1998) compararam sequências genômicas parciais de isolados de geminivírus de tomateiros do Distrito Federal, Minas Gerais e do Submédio do Vale São Francisco, detectando seis diferentes espécies ainda não descritas, o que indica a grande variabilidade desses vírus associados à cultura do tomate no Brasil.

No estado de São Paulo, nos últimos anos, o geminivírus mais comumente encontrado infectando tomateiros pertence à espécie descrita por FARIA et al. (1997). Em levantamento recente em regiões de plantio no Estado, COLARICCIO et al. (2007), identificaram também *Tomato rugose mosaic virus* (ToRMV) além do ToYVSV. O patógeno também já foi estudado por SOUZA-DIAS et al. (1996), COLARICCIO et al. (2001) e EIRAS et al. (2002). A alta incidência de ToYVSV em lavouras de tomate no estado de São Paulo, no início desta década, tem produzido decréscimos significativos na produção.

Uma previsão de consenso atual da extensão da diversidade de begomovírus considera que uma alta frequência da recombinação de interespecies resultou na emergência recente de genótipos de vírus altamente patogênicos no Brasil (PADIDAM et al., 1999). Conseqüentemente, as epidemias associadas ao geminivírus estão ameaçando atualmente à produção de tomate no Brasil, com a proliferação de novas espécies desse vírus (AMBROZEVICIUS et al., 2002; FERNANDES et al., 2006).

2.3.2 Sintomatologia e danos

As plantas respondem ao ataque de patógenos ativando múltiplos mecanismos de defesa para proteger-se da infecção. Muitas vezes, essas rápidas respostas celulares são provocadas pelo reconhecimento de agentes patogênicos específicos (elicitores) e a ativação de caminhos de transdução altamente regulados. O objetivo principal desses caminhos é o núcleo da célula, onde os sinais levam à ativação de uma grande quantidade de genes de defesa (MALECK et al., 2000). Os produtos desses genes incluem proteínas relacionadas ao patógeno bem como enzimas implicadas na biossíntese de metabólitos protetores secundários.

Durante o ciclo de infecção, os vírus de plantas devem adaptar-se a ambientes heterogêneos, mesmo dentro de uma única planta, os vírus têm de invadir tecidos diferentes e órgãos para estabelecer infecções prósperas (LI & ROOSSINCK, 2004).

Em tomateiro, segundo VILLAS-BÔAS et al. (1997) e LASTRA (1993), apesar de existir muitas espécies de geminivírus infectando essa hortaliça, as plantas infectadas apresentam, em geral, sintomatologia característica. Observa-se uma clorose entre as nervuras, inicialmente na base dos folíolos, que evolui para mosaico amarelo. Posteriormente, os sintomas se generalizam, seguidos de intensa rugosidade dos folíolos, podendo ocorrer também o enrolamento dos bordos das folhas, as quais se dobram ou enrolam para cima, num formato tipo concha ou colher, sintoma este não observado em ToYVSV. A infecção da planta por geminivírus afeta uma grande parte dos processos vitais da planta, com redução de clorofila e proteínas, logo, a taxa fotossintética é reduzida a um terço em relação à taxa de uma planta normal.

2.3.3 Transmissão de geminivírus

Os begomovírus são transmitidos pela mosca-branca (*B. tabaci*). A relação entre geminivírus e *B. tabaci* é do tipo persistente-circulativo, ou seja, o inseto adquire o vírus durante o processo de alimentação e este circula no seu corpo até atingir as glândulas salivares. Quando o adulto de mosca-branca infectada se alimenta de uma planta sadia, o vírus é inoculado no sistema vascular da planta juntamente com a saliva, onde se multiplica. O adulto de mosca-branca pode adquirir o vírus ao alimentar-se em uma planta infectada por um período de quatro horas, denominado de período de aquisição. Após um período de latência que pode variar de quatro a vinte horas, de acordo com o tipo de vírus e as condições ambientais, a mosca-branca estará apta a transmitir o geminivírus por um período de dez dias, ou até vinte dias em casos excepcionais. Ao se

alimentarem do floema as moscas brancas extraem aminoácidos carboidratos necessários à sua sobrevivência, reproduzindo-se e disseminando-se rapidamente pelas plantas (LASTRA, 1993).

Quanto ao potencial de inoculação mecânica, COLARICCIO et al. (2007) estudaram características moleculares e biológicas de isolados de ToYVSV, testando a transmissão do vírus, por meio de inoculação mecânica, para plantas de *Chenopodium amaranticolor*, *Datura metel*, *D. stramonium* e *Nicotiana glutinosa* cv White Burley e não houve transmissão do ToYVSV para nenhuma das plantas testadas.

2.3.4 Controle do geminivírus

As estratégias de controle não devem ser utilizadas isoladamente, pois o controle químico da mosca-branca é difícil devido à constante e efetiva migração de grandes populações de *B. tabaci* biótipo B de lavouras mais velhas para as mais novas, que pode levar à aquisição de resistência aos inseticidas (HARRISON, 1985). As medidas de controle devem enfatizar: eliminação e/ou a redução de todas as fontes de geminivírus; redução da população do inseto vetor evitando o uso indiscriminado de inseticidas; produção de mudas em locais protegidos com telas à prova de insetos; aliado com tratamentos fitossanitários; aplicação de inseticidas com alternância de princípios ativos e grupos químicos; incorporação de resistência genética ao patógeno no hospedeiro (MORALES & ANDERSON, 2001).

Medidas como rotação de culturas, retirada e destruição de restos culturais, manejo de ervas invasoras e períodos livres de plantio mostram-se efetivas se usadas em escala regional. Barreiras vivas, cultura-armadilha, estande mais denso, coberturas de solo com plásticos ou com outras substâncias refletivas ou ainda coberturas vivas, podem causar impacto sobre moscas brancas, mas são mais difíceis de serem adotadas pelos produtores por requererem mudanças significativas nos sistemas convencionais de cultivo (HILJE, 2001).

2.4 Melhoramento Genético

2.4.1 Resistência ao ToYVSV

Resistência, de acordo com GALLO et al. (1988), é um conceito relativo que lida com interações específicas e bem definidas entre a planta e o inseto praga e que ocorre numa amplitude considerável de níveis de resistência. Uma planta resistente deve

ser identificável e o caráter geneticamente transmissível, agronomicamente superior e relativamente permanente, para sua utilização de forma eficiente.

O desenvolvimento de cultivares resistentes de tomate a doenças causadas por espécies de geminivírus do gênero *Begomovirus* atualmente é objeto de muitas pesquisas. O método tradicional, utilizado para identificação de plantas resistentes, tem sido efetuado por meio da avaliação de genótipos recentemente desenvolvidos e também de cultivares antigas, genótipos introduzidos de outros países, formas selvagens e até espécies afins (MICHELSON et al., 1994; VIDAUSKY & CZOSNEK, 1998; LAPIDOT et al., 2001; PIETERSEN & SMITH, 2002; GOMEZ et al., 2004).

Durante o processo de migração, o tomate passou por restrições no tamanho populacional levando a uma drástica redução na sua variabilidade genética. Contudo, as espécies remanescentes constituem-se num valioso banco de genes, os quais podem ser utilizados em cruzamentos interespecíficos (TAYLOR, 1986).

As principais características que favorecem pesquisas genéticas com o tomate é o fato de possuir o genoma diplóide com poucas duplicações, cromossomos diferenciados e fáceis de distinguir, estrutura da flor que favorece a hibridação manual, micropropagação fácil, entre outras características (RICK, 1991).

Com o avanço das pesquisas, novas espécies selvagens tem sido identificadas e, atualmente, considera-se a existência de treze espécies componentes do gênero *Solanum* (PERALTA et al., 2005). Todas as espécies do gênero apresentam um número básico cromossômico $n = 12$, ($2n = 2x = 24$), com a maioria das plantas diplóides e ausência de endogamia (CARNEIRO & VIEIRA, 2002).

As pesquisas para identificação de fontes de resistência ao geminivírus começaram por volta de 1970 (LATERROT, 1995). Atualmente, diversas formas e métodos são utilizados para obtenção de resistência, incluindo melhoramento genético clássico e técnicas biotecnológicas (FREITAS-ASTUA et al., 2002; LAPIDOT & FRIEDMANN, 2002).

A maior parte dos relatos tratam da seleção de fontes de resistência ao *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV), espécie pertencente ao gênero *Curtovirus* de genoma monopartido ainda não detectada no Brasil causando danos à cultura do tomate. De acordo com FARIA et al. (1997), RIBEIRO et al. (1994) e ZERBINI et al. (1996), a espécie *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV), de genoma bipartido, é a que predomina nas lavouras brasileiras.

Os relatos de literatura disponíveis sobre resistência genética aos geminivírus mostram que ela é do tipo tolerância, observando-se variação na concentração de vírus nas plantas infectadas e que ainda não foi detectada imunidade nas pesquisas realizadas (ROM et al., 1993).

Como ainda não se conhecem fontes de resistência aos geminivírus em tomate cultivado, os programas de melhoramento genético baseiam-se na introgressão de genes de resistência de espécies de *Lycopersicon* selvagens como *L. peruvianum*, *L. chilense*, *L. pimpinellifolium* e *L. hirsutum* (LAPIDOT et al., 2001). Essas espécies são assintomáticas contribuindo para à resistência e uma menor quantidade e acúmulo de vírus nas plantas (ZAKAY et al., 1991).

Dependendo da fonte, a resistência pode ser controlada por um a cinco genes recessivos e dominantes (ZAKAY et al., 1991). De acordo com KASRAWI et al. (1988), linhagens de *L. peruvianum* f. *humifusum* e de *L. peruvianum* apresentam altos níveis de resistência ao TYLCV, observando-se que a herança da resistência nas linhagens PI 126935, de *L. peruvianum*, é controlada por cinco genes recessivos. Em *L. chilense*, fonte do gene de resistência *Ty-1*, há diversas linhagens com alto nível de resistência a isolados de geminivírus da França, Israel e Flórida (EUA) (ZAKAY et al., 1991).

Segundo GIORDANO et al. (1994), muitas introgressões gênicas em cultivares vêm sendo realizadas com o gene *Ty-1*, originário da linhagem LA 1969 (*S. chilense*). O gene *Ty-1* foi mapeado e, utilizando a técnica de RFLP, foi introgridido em tomate no cromossoma 6. O gene *Ty-1* interfere na síntese de proteína viral responsável pela circulação do vírus na planta, sendo mais eficaz sob baixa pressão de inóculo (LATERROT, 1995; GIORDANO et al., 1994; MICHELSON et al., 1994; ZAMIR et al., 1994).

A resistência a TYLCV foi encontrada em tomate de espécies selvagens como *S. pimpinellifolium*, *S. peruvianum*, *S. chilense*, *S. habrochaites*, e *S. cheesmaniae* (PICO et al., 1998).

Segundo (HANSON et al., 2000), o gene *Ty-2* tem como origem a linhagem de tomate H24, derivada de *S. habrochaites*. Essa linhagem foi desenvolvida na Índia (KALLOO & BANERJEE, 1990) e demonstrou altos níveis de resistência ao geminivírus (TYLCV) que prevalece na Índia, Taiwan, Japão e Vietnã e que foi usada como fonte de resistência por outros programas de melhoramento genético vegetal. HANSON et al. (2000) não propuseram um nome para o gene de resistência ao

geminivírus, condicionada pelo cromossoma 11, devido à possibilidade de o fragmento de DNA selvagem abrigar vários outros locos de resistência. No entanto, informalmente, o gene já foi referido como *Ty-2* em várias citações de literatura.

Por meio de marcadores moleculares, MEJÍA et al. (2005) analisaram as linhagens M82-1-8, H24 e a espécie selvagem *S. habrochaites*, verificando que a linhagem H24 era quase idêntica à espécie selvagem *S. habrochaites* e muito diferente da linhagem M82-1-8.

Segundo KALLOO & BANERJEE (1990), dois genes agindo sob efeitos de epistasia condicionaram resistência em H24, embora uma única introgressão selvagem no cromossoma 11 tenha sido encontrada no seu mapeamento, associando-a com resistência ao geminivírus TYLCV.

De acordo com JI & SCOTT (2005) o gene *Ty-3* é um gene que promove resistência para begomovirose em tomate ligado ao gene *Ty-1* e ambos estão situados no cromossoma 6. O gene *Ty-3* promove a resistência ao TYLCV, sugerindo uma contribuição de efeitos aditivos e de dominância. Além da resistência ao TYLCV, o gene *Ty-3* também contribui para a resistência ao TMoV (*Tomato mosaic virus*).

Segundo MEJÍA et al. (2005), pesquisadores da Universidade da Flórida (EUA) estavam utilizando, na época, diversos acessos de *S. chilense* como fonte de resistência ao TYLCV e ao *Tomato mottle virus* (ToMV). As linhagens pertencem ao programa de melhoramento universidade, sendo avaliadas na Guatemala, mostrando-se altamente resistentes aos begomovírus bipartidos.

O gene *Ty-3* foi empregado no melhoramento de linhagens avançadas derivadas da linhagem LA-2779, sugerindo possível coexistência e ligação alélica de resistência entre os genes *Ty-1* e *Ty-3*, introgrididos nessa linhagem. O uso de marcadores moleculares confirmaram os alinhamentos de seqüência em numerosos locais em ambas as regiões dos genes (MAXWELL et al., 2006).

JI & SCOTT (2005) afirmaram que a incorporação dos dois genes, *Ty-1* e *Ty-3*, oferece possibilidade de aumento da resistência ao TYLCV, que é o caso de alguns híbridos comerciais presentes no mercado atualmente.

Em linhagens de *L. pimpinellifolium*, a resistência ao geminivírus tem mostrado diferentes tipos de herança, como monogênica incompleta, monogênica dominante e poligênica (PILOWSKY & COHEN, 1974). Outras espécies de tomateiro, como *L. cheesmanii* ssp. *minor* e *L. hirsutum* possuem herança do tipo monogênica recessiva e mais de um gene dominante, respectivamente (KASRAWI et al., 1988).

A eficiência da seleção de genótipos com resistência a geminivírus poderá ser aumentada quando assistida por técnicas biomoleculares. A reação de polimerase em cadeia (PCR) é uma técnica específica e extremamente sensível e tem sido utilizada para detecção e estudo de variabilidade genética de geminivírus (RYBICKI & HUGHES, 1990), tanto a partir de tecidos de plantas como de DNA extraído de insetos vetores (NAVOT et al., 1992).

A hibridização com o uso de sondas moleculares tem sido utilizada na detecção de geminivírus (NAVOT et al., 1989; POLSTON et al., 1989). O 'dot blot' tem permitido além da detecção, o estudo da diversidade genética e a titulação do vírus na planta, enquanto o 'squash blot' permite a seleção de genótipos resistentes (GILBERTSON et al., 1991; ROM et al., 1993). No Brasil, essa técnica vem sendo utilizada para detecção de geminivírus quando o número de amostras é grande e para seleção de genótipos resistentes (GIORDANO et al., 1998).

Além da resistência ao geminivírus, o melhoramento deve buscar também fontes de resistência ao inseto vetor, de forma a obter cultivares resistentes à mosca-branca (MCDONALD & LINDE, 2002).

2.4.2 Cruzamentos dialélicos

O conceito de cruzamentos dialélicos foi apresentado por HAYMAN (1954a) e GRIFFING (1956a,b) e representa uma técnica importante para o melhoramento de plantas, uma vez que possibilita a recombinação da variabilidade disponível, permitindo a obtenção de novos genótipos. Vários métodos têm sido propostos, destacando-se os trabalhos desenvolvidos por JINKS & HAYMAN (1953), HAYMAN (1954a), GRIFFING (1956 a,b) e GARDNER & EBERHART (1966).

Para LEFFEL & WEISS (1958), é digno de investigação o relacionamento entre linhagens, seus híbridos F_1 e gerações subsequentes, por predizer a potencialidade de gerações futuras e fornecer estimativas de parâmetros genéticos essenciais para utilização de métodos de melhoramento.

Entre os delineamentos genéticos disponíveis, os cruzamentos dialélicos se destacam, provendo estimativas de parâmetros úteis na seleção de genitores para hibridação e no entendimento dos efeitos genéticos envolvidos na determinação dos caracteres. A análise de cruzamentos dialélicos tem grande utilidade, pois permite a condução eficiente de um programa de melhoramento, orientando na escolha do melhor procedimento de seleção e dos métodos de melhoramento mais eficientes na condução

das populações segregantes (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; RAMALHO et al., 1993; CRUZ & REGAZZI, 1994).

Na análise dialélica proposta por GRIFFING (1956b), o desempenho médio de cada genótipo é decomposto em capacidade geral de combinação CGC (efeitos principais) e capacidade específica de combinação CEC (interações).

Vários são os métodos empregados para análise e interpretação de cruzamentos dialélicos, conforme mostrado por CRUZ & REGAZZI (1997). Cada uma destas técnicas tem suas peculiaridades e exploram de forma diferenciada os dados, sendo preferida de acordo com os objetivos do pesquisador. Dentre os principais métodos pode ser destacado o de GARDNER & EBERHART (1966), estudando em detalhes a heterose, e o de GRIFFING (1956a), fornecendo informações sobre a capacidade geral e específica de combinação dos genitores em cruzamentos artificiais.

Entre os métodos de análise dialélica disponíveis, o proposto por JINKS & HAYMAN (1953) e HAYMAN (1954a) não se baseia em modelos previamente estabelecidos, mas no conhecimento da natureza ambiental e genético-estatísticas como médias, variâncias, covariâncias obtidas a partir de uma tabela dialélica.

Estas fornecem informações sobre o controle genético do caráter em estudo, dos valores genéticos de genitores e dos limites de seleção dos caracteres em estudo (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992; CRUZ & REGAZZI, 1994). O primeiro esquema de análise de variância para tabelas dialélicas foi apresentado por YATES (1947). A análise genética dos caracteres leva a um melhor conhecimento das relações genéticas entre os genitores envolvidos em cruzamentos, úteis na escolha do método de melhoramento e de seleção a serem empregados, bem como a visualização do potencial genético de futuras linhagens (CRUZ & REGAZZI, 1994).

Os programas de melhoramento buscam linhagens mediante autofecundações sucessivas, que possibilitem a obtenção de híbridos produtivos e com frutos uniformes. Nesse contexto, os cruzamentos dialélicos se mostram bastante eficientes, por avaliar as populações *per se* e as respectivas combinações híbridas (RAMALHO et al., 1993).

O método de análise de GRIFFING (1956b) é o mais amplamente utilizado, devido a sua generalidade, uma vez que os parentais podem ser clones, linhas puras, linhas endogâmicas ou populações de autofecundação ou de cruzamento, considerando-se ainda as facilidades de análise e interpretação.

O método experimental pode variar se as linhagens genitoras ou os cruzamentos recíprocos são incluídos, apresentando quatro possíveis métodos experimentais, onde

cada método requer uma forma diferente de análise. No método 1 são incluídos os genitores, um grupo de híbridos F_1 's e seus recíprocos (todas as p^2 combinações); o método 2 inclui os genitores e os híbridos F_1 's, sem os recíprocos ($[p(p+1)]/2$ combinações); no método 3 consideram-se os híbridos F_1 's e seus recíprocos, sem os genitores ($[p(p+1)]$ combinações); e, no método 4, são incluídos somente os híbridos F_1 's, sem recíprocos e genitores ($[p(p-1)]/2$ combinações) (CRUZ, 2006). Com relação à maneira de obter a amostra de genitores, GRIFFING (1956b) dividiu em duas classes de modelo onde, no modelo I (fixo), os genitores são deliberadamente escolhidos, permitindo estimar os efeitos da capacidade de combinação e obter erros padrões apropriados para as diferenças entre efeitos.

No modelo II (aleatório), as linhagens parentais são consideradas como sendo uma amostra ao acaso de alguma população, permitindo estimar os componentes genéticos e ambientais da variância da população. No entanto, quando o pesquisador tem interesse em cruzar um conjunto de materiais com um ou mais testadores, deve utilizar o cruzamento dialélico parcial que é como um delineamento genético fatorial que permite o cruzamento entre grupos e não dentro de grupos (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992). Essa forma de cruzamento se baseia no método dois e modelo I proposto por GRIFFING (1956b), onde os genitores e híbridos F_1 's ou apenas os híbridos F_1 (método 4) são incluídos na análise e o material experimental é considerado um conjunto fixo de linhagens e foi adaptado por GERALDI & MIRANDA FILHO (1988). Nesse modelo adaptado, faz-se o desdobramento da soma de quadrado dos tratamentos em soma de quadrados para capacidade geral de combinação dos grupos um e dois (CGC) e para capacidade específica de combinação (CEC).

O método proposto por GARDNER & EBERHART (1966) apresenta a vantagem de avaliar os efeitos de variedades e de heterose varietal a partir do desdobramento da CGC. Entretanto, CRUZ & VENCOVSKY (1989), compararam alguns métodos de análise dialélica e concluíram que existe pouca diferença entre o método proposto por GARDNER & EBERHART (1966) e o método 2 apresentado por GRIFFING (1956b).

Apesar da decomposição do efeito de capacidade geral de combinação em efeitos de variedades e de heterose varietal, de um modo geral, o melhor critério para a escolha de genitores continua sendo a avaliação da capacidade geral de combinação. GRIFFING (1956b) esclareceu que, quando o efeito dos locos é aditivo, a variância genética total é a soma das variâncias genotípicas separadas para cada loco. Além disso,

a variância da capacidade geral de combinação (CGC) não contém apenas a variância genética aditiva, mas também uma porção epistática do tipo aditiva.

2.4.3 Capacidade geral (CGC) e específica (CEC) de combinação

Os conceitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) foram estabelecidos por SPRAGUE & TATUM (1942). A importância relativa das variâncias da CGC e da CEC estão relacionadas com seus efeitos, pois nestes residem a viabilidade e o sucesso do melhoramento (CRUZ & REGAZZI, 1997).

A CGC (\hat{g}_i) diz respeito ao comportamento médio de um genitor numa série de combinações híbridas e está associada aos efeitos aditivos dos alelos e às ações epistáticas do tipo aditiva. As estimativas dos efeitos da CGC fornecem informações a respeito das potencialidades do parental em gerar combinações favoráveis à formação de genes predominantemente aditivos em seus efeitos. Quanto mais altas forem essas estimativas, positivas ou negativas, determinado parental será considerado muito superior ou inferior aos demais incluídos no dialelo, e, se próximas de zero, seu comportamento não difere da média geral dos cruzamentos. O efeito de CGC (\hat{g}_i) é um indicador da superioridade do parental e de sua divergência relativa entre os demais parentais. Genes de efeitos aditivos são fixados ao longo das sucessivas gerações de autofecundação, sendo, sobretudo, importantes para espécies autógamas, enquanto que genes de efeitos dominantes são mais expressivos em populações alógamas (CRUZ & REGAZZI, 1997).

A CEC (\hat{s}_{ij}) é usada para estimar os desvios do comportamento de um híbrido em relação ao esperado com base na CGC (\hat{g}_i), estando associada aos efeitos de dominância e epistasia (CRUZ & VENCovsky, 1989; CRUZ & REGAZZI, 1994). Os valores das estimativas de CEC são diretamente proporcionais à heterose, uma vez que a média dos híbridos pode ser determinada a partir da somatória da média geral aos efeitos de CGC e CEC. Híbridos apresentando maiores estimativas de CEC (\hat{s}_{ij}) foram os que apresentaram maiores estimativas de heterose em caracteres de berinjela avaliados (SILVA et al., 1999). A significância dos quadrados médios para CEC (\hat{s}_{ij}) é indicativa da manifestação de genes de efeitos não aditivos para o caráter, ao passo que as magnitudes de variâncias (ou componentes quadráticos) associadas aos efeitos da CEC revelam a predominância ou não deste tipo de ação gênica (CRUZ & REGAZZI, 1997). A ausência de significância, no entanto, sinaliza que os parentais não apresentam entre

si um apreciável grau de complementação gênica em relação às frequências dos alelos nos locos que apresentam dominância (VENCOVSKY & BARRIGA, 1992).

O sucesso de um programa de melhoramento genético é condicionado pela eficiência na escolha dos genitores, que ao serem cruzados, produzam híbridos e, posteriormente, populações segregantes promissoras, favorecendo o trabalho do melhorista na obtenção de progresso genético. Em vista disso, o cruzamento dialélico tem sido amplamente utilizado para seleção de genitores (CRUZ & REGAZZI, 1997).

As primeiras pesquisas sobre a capacidade combinatória e heterose em tomate enfocaram principalmente caracteres associados com a produção e seus componentes (TRINKLEIN & LAMBETH, 1975). Esses mesmos pesquisadores analisaram um cruzamento dialélico envolvendo seis cultivares de origens diversas. Constataram que os caracteres relacionados com a qualidade do fruto exibiram predominantemente efeitos de CGC, enquanto para o caráter peso de frutos prevaleceram efeitos significativos de CEC.

Segundo BASTOS et al. (2003), os efeitos da CEC (\hat{s}_{ij}) enfatizam a importância de interações não-aditivas resultantes da complementação gênica entre os parentais, possibilitando antever respostas de ganho genético com a exploração da heterose. A variância da CEC (\hat{s}_{ij}) inclui toda a variância de dominância e o restante dos efeitos epistáticos.

Avaliando a capacidade combinatória entre seis cultivares de tomate MELO (1987) verificou que os efeitos gênicos não aditivos foram superiores aos efeitos gênicos aditivos para produção de frutos e seus subcomponentes. Para o caráter número de lóculos, os valores estimados para CGC e CEC foram similares, indicando que os efeitos aditivos e não aditivos são igualmente importantes na herança desse caráter.

A combinação híbrida mais favorável deve ser, portanto, aquela que apresentar maior estimativa de CEC (\hat{s}_{ij}) e que seja resultante de um cruzamento em que pelo menos um dos parentais apresente elevada CGC (CRUZ & REGAZZI, 1997), porém, dois parentais de elevada CGC (\hat{g}_i) nem sempre proporcionam a formação da melhor combinação do dialélico (CRUZ & VENCOVSKY, 1989).

2.4.4 Heterose

Este termo foi originalmente proposto por SHULL (1908) com o propósito de tornar o fenômeno livre de implicações genéticas e evitar confusão com o termo vigor de híbrido, que estava relacionado apenas com o Mendelismo.

A heterose é utilizada para descrever a manifestação da superioridade de um caráter quantitativo em combinações híbridas, é a expressão genética dos efeitos benéficos da hibridação (BASTOS et al., 2003).

O nome “heterose” é aplicado ao valor médio do comportamento do híbrido em relação à média de seus genitores, para uma ou mais características, manifestando-se quando o caráter avaliado no híbrido é maior (heterose positiva) ou menor (heterose negativa) do que a média dos genitores. DANGARIA et al. (1987) utilizaram o termo heterobeltiose em referência à heterose comercial.

A heterose baseia-se em duas teorias, a de dominância e a de sobredominância. A teoria de dominância foi proposta por DAVENPORT (1908) e BRUCE (1910) que é observada no híbrido resultante do acúmulo de genes dominantes provenientes de ambos os pais. A teoria da sobredominância, proposta por SHULL (1908) e EAST (1908), é o resultado da condição heterozigótica dos locos que controlam um determinado caráter, ou seja, os locos heterozigóticos seriam superiores aos homozigóticos.

A ausência de heterose não é determinante de ausência de dominância. A "heterose negativa", resultante do comportamento médio inferior de um híbrido em relação à média de seus parentais, deve ser justificada pela dominância direcionada à redução da expressão do caráter. Na ocorrência de locos com dominância positiva e locos com dominância negativa, os efeitos podem anular-se e a heterose pode não se verificar. A heterose é, portanto, a somatória dos efeitos favoráveis ao vigor dos locos em heterozigose na geração filial (FALCONER, 1981). Mesmo considerando que as interações de dominância e/ou sobredominância nem sempre sinalizam na direção de aumentar o valor fenotípico do caráter, deve-se enfatizar que, na ocorrência dessas interações, a obtenção de híbridos se configure como a melhor estratégia a ser adotada para o melhoramento e não a seleção de indivíduos superiores (RAMALHO et al., 2000).

Em geral, os híbridos derivados de parentais geneticamente divergentes e/ou de origens geográficas diferentes, expressam valores heteróticos maiores (MIRANDA, 1987; TAVARES, 1993; MELO, 1997; SILVA, 2002).

Em hortaliças tem sido possível explorar a heterose em espécies alógamas como abóbora, brócolis, cebola, cenoura, couve-flor, melancia, melão, pepino e repolho (PEARSON, 1983); e autógamas como tomate (MELO, 1987) e pimentão (MIRANDA, 1987; TAVARES, 1993; MELO, 1997; SILVA, 2002).

Segundo FALCONER (1981), o valor da heterose obtido do cruzamento entre duas linhas ou populações depende do quadrado da diferença da frequência alélica entre essas populações e será máximo quando um alelo encontrar-se fixo em uma população e o outro alelo na outra população, ou será inexistente quando alguns locos são dominantes em uma direção e outros em direção contrária. Portanto, a divergência genética entre os parentais é um indicativo da obtenção de híbridos de expressivos valores heteróticos.

A divergência genética está relacionada ao grau de distanciamento entre populações quanto ao conjunto de caracteres que lhes são peculiares. A distância genética, no entanto, na maioria dos casos, mostra-se positivamente correlacionada à heterose, considerando-se, dessa forma, que a magnitude da heterose seja proporcional à distância genética entre os parentais (MOREIRA et al., 1994).

A associação entre a heterose verificada nos híbridos e a divergência genética dos parentais tem sido estabelecida na teoria (FALCONER, 1981) e confirmada na prática por diversos autores (MALUF et al., 1983; GHADERI et al., 1984; ARUNACHALAM et al., 1984; MIRANDA et al., 1988b; MELO, 1987; DIAS & KAGEYAMA, 1997; MELO, 1997; FUZZATO et al., 2002).

3 MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi conduzido no Parque Tecnológico do Centro de Horticultura, do Instituto Agrônomo, IAC, em Campinas, SP e na Estação Agrícola Experimental da Nunhems do Brasil Comércio de Sementes Ltda., em Paulínia, SP, em condições de casa de vegetação e campo.

3.1 Origem dos Genitores e Obtenção dos Híbridos Experimentais F₁

Para a obtenção dos híbridos experimentais F₁ de tomate de mesa do segmento salada, foram utilizadas seis linhagens resistentes e quatro linhagens suscetíveis ao *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV, do Banco Ativo de Germoplasma de tomate da Nunhems. As linhagens genitoras foram selecionadas até a geração F₆, no período de 2003 a 2006, utilizando-se inoculações com o isolado de ToYVSV em condição controlada sob forte pressão do inóculo.

As linhagens F₆ suscetíveis ao ToYVSV foram selecionadas como genitoras por suas características agrônomicas desejáveis, como arquitetura de planta, tamanho e formato de fruto, boa produtividade e resistência às outras importantes doenças, conforme descrito na tabela 1.

Os cruzamentos foram realizados em casa de vegetação com cobertura de polietileno transparente de 75 µm de espessura, tela anti-afídeo nas laterais e equipada com sistema de irrigação por gotejamento.

Para a realização dos cruzamentos, utilizaram-se três plantas de cada genitor feminino e cinco plantas genitoras masculinas doadoras de pólen, cujas mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 128 células, utilizando-se substrato comercial à base de fibra de coco. Quando as mudas apresentavam 3 a 4 folhas definitivas, foram transplantadas para vasos plásticos com capacidade para 14 litros preenchidos com o mesmo substrato. Colocou-se uma planta por vaso sendo devidamente identificadas. As plantas foram tutoradas individualmente e conduzidas com uma única haste, eliminando todas as brotações das axilas das folhas (Figura 1).

Tabela 1 - Características de resistência e suscetibilidade dos genitores e testemunhas utilizados nos cruzamentos para obtenção de híbridos experimentais resistentes ao *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV.

Número	Genealogia	Genitores resistentes ao ToYVSV	
		Resistência	Suscetibilidade
06-4554-1	09840-SF-5-1-2-1	Gv, F2, Pto	F3, N (Mi, Mj), TMoV, Sw, Ty1, Ty2, Ty3
06-4563-2	11934-M-SF-2-3-2	Gv, N (Mi, Mj), F2	F3, TMoV, Pto, Sw, Ty1, Ty2, Ty3
06-4567-1	11317-M-SF-1-2-1	Gv, N (Mi, Mj), Ty1, Ty3	F2, F3, TMoV, Pto, Sw, Ty2
06-4572-2	11318-M-SF-1-5-2	Gv, Sw, N (Mi, Mj), Ty1	F2, F3, TMoV, Pto, Ty2, Ty3
07-4043-2	11954-M-04-2	Gv, F2, Nv, F3, N (Mi, Mj), TMoV, Ty1	V, Sw, St, Pto, A
07-4046-3	11954-M-07-3	Gv, F2, Nv, F3, N (Mi, Mj), TMoV, Ty1	V, Sw, St, Pto, A

Número	Genealogia	Genitores suscetíveis ao ToYVSV	
		Resistência	Suscetibilidade
07-4134	10268-M-2-1-2	F2, A, St, TMoV	Gv, Sw, V
07-4158	11648-M-6-1-4	F2, N (Mi, Mj), A, St, TMoV	Gv, Pto, Sw
07-4169	11794-M-4-5-4	V, A, Sw, Nv, F2	Gv, N (Mi, Mj), Pto
07-4178	K4-243-M-4-1-1	V, N (Mi, Mj), A, TMoV	Gv, F1, St, Pto, Sw

Testemunhas resistentes ao geminivírus	
Dominador (AGRISTAR, 2009)	F1, F2, For, N (Mj), TMoV, TYLCV, V
Tyler (SAKATA, 2009)	F1, F2, V1, TMoV, N (Mi 1,2,3,4), N (Mj), ToRMV (moderada)
Ty Fanny (SEMINIS, 2009)	F1, F2, N (Mi), V1, TMoV, TYLCV, TYLCSV
Nun 4044 (NUNHEMS ¹)	F1, F2, For, N (Mi, Mj), TMoV, V, Ty1
Nun 4045 (NUNHEMS ¹)	F1, F2, For, N (Mi, Mj), TMoV, V, Ty1
Ellen (DE RUITER SEEDS)	F1, F2, N (Mi), V, TMoV, Ty1

Legenda:

A: *Alternaria solani*
 F1: *Fusarium oxysporum* f.sp. *melonis*, raça 0
 F2: *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici*, raça 1
 F3: *Fusarium oxysporum* f.sp. *lycopersici*, raça 2i
 For: *Fusarium oxysporum* f.sp. *radicis-lycopersici*
 Gv: Geminivírus
 N (Mi): *Meloidogyne incognita*
 N (Mj): *Meloidogyne javanica*
 Nv: Marchitez
 Pto: *Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*
 St: *Stemphylium solani*

Sw: *Tomato spotted wilt virus* – TSWV
 TMoV: *Tomato mosaic virus*
 ToRMV: *Tomato rugose mosaic virus*
 TYLCV: *Tomato yellow leaf curl virus*
 TYLCSV: *Tomato yellow leaf curl sardinia virus*
 Ty1: *Tomato yellow leaf curl virus 1*
 Ty2: *Tomato yellow leaf curl virus 2*
 Ty3: *Tomato yellow leaf curl virus 3*
 V: *Verticillium dahliae*
 V1: *Verticillium dahliae*, raça 1

¹ BERNARDI, W.F. Comunicação pessoal.



Figura 1 - Etapas de obtenção dos híbridos de tomate. (A e B) Plantio e condução dos genitores; (C) Cruzamentos; (D) Frutos cruzados. Paulínia, SP, 2007.

A adubação foi feita de acordo com as recomendações para a cultura do tomate, através de fertirrigação com fitas gotejadoras espaçadas de 20 cm entre orifícios. O controle de pragas e doenças foi realizado de acordo com as necessidades locais e da cultura do tomate.

Para a obtenção dos híbridos experimentais F_1 , utilizou-se a técnica de cruzamentos manuais controlados, que envolveu a emasculação das flores dos parentais femininos na véspera da antese, a coleta de pólen dos genitores masculinos e a polinização e identificação dos cruzamentos (MELO, 1989). O procedimento foi feito diariamente até a obtenção de cinco frutos para cada combinação desejada.

Os frutos obtidos dos cruzamentos foram colhidos no estágio maduro, onde procedeu-se a extração, ensacamento e identificação das sementes híbridas experimentais F_1 utilizadas nas etapas de avaliação da resistência ao *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV em casa de vegetação e avaliação do desempenho agrônômico em campo.

3.2 Fonte, Manutenção e Caracterização Molecular do Isolado de ToYVSV

A espécie de ToYVSV utilizada no estudo foi descrita por FARIA et al. (1997). A coleta do isolado procedeu-se em lavoura comercial de tomate de mesa na região de Campinas, SP. Esse isolado foi mantido na Estação Experimental da Nunhems, em Paulínia, SP, em salas climatizadas em gaiolas ou *cages* contendo plantas de tomate e população de moscas-brancas infectadas com o ToYVSV (Figura 2). A fonte do geminivírus utilizada neste estudo foi a mesma utilizada por DELLA VECCHIA et al. (2006), em estudo da dinâmica temporal e espacial da begomovirose causada por ToYVSV na região de Campinas, SP.



Figura 2 - Gaiola contendo população de mosca-branca (*Bemisia tabaci*) biótipo B infectada com isolado de *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV) em plantas hospedeiras de tomate e couve-de-folhas. Paulínia, SP, 2007.

Os autores (DELLA VECCHIA et al., 2006) confirmaram a identidade do ToYVSV por meio de PCR e análise da sequência de nucleotídeos de parte do DNA-A viral, que inclui os genes AV1 e AC3.

A extração de DNA genômico das plantas com sintomas de ToYVSV foi realizada conforme protocolo descrito por EDWARDS et al. (1991) a partir de tecidos foliares. O DNA total extraído foi usado em reação de PCR usando-se o par de oligonucleotídeos degenerados AV494 (5'-GCCYATRTAYAGRAAGCCMAG-3') e AC1048 (5'-GGRTTDGARGCATGHGTACATG-3'), que amplifica um fragmento de aproximadamente 576 pb do DNA A, referente ao gene da proteína capsial dos

begomovirus e o par de oligonucleotídeos degenerados PBL1v2040 (5'-GCCTCTGCAGCARTGRTCKATCTTCATACA-3') e PCRc1 (5'-CTAGCTGCAGCATATTTACRARWATGCCA-3'), que amplifica um fragmento de aproximadamente 500 a 650 pb do DNA B.

O seqüenciamento foi realizado em aparelho ABI Prism 377 DNA Sequencer™ de acordo com o protocolo descrito nos kits utilizados (Templiphi DNA amplification, da Amersham Biosciences, e Big Dye™ Terminator Cycle Sequencing Ready Reaction, da PE Applied Biosystems). As seqüências de nucleotídeos obtidas dos eletroferogramas foram alinhadas pelo programa CAP 3, de onde foi extraída a seqüência consenso final para a região envolvendo os genes AV1 (proteína capsidial) e AC3 (Ren) do DNA A. A identidade com outros begomovirus depositados no GenBank foi realizada pelo programa Blast do National Center for Biotechnology Information (NCBI) (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov>). O alinhamento da seqüência consenso foi realizado pelo programa Multalin (INRA) (<http://prodes.toulouse.inra.fr/multalin/multalin.html>). A seqüência de aminoácidos deduzida foi realizada pelo programa Translate (<http://ca.expasy.org/tools/dna.html>) e comparada com aquelas disponíveis no GenBank através do programa Blast.

3.3 Delineamento Experimental e Avaliação dos Híbridos Experimentais

3.3.1 Avaliação da resistência ao isolado de ToYVSV

Para a avaliação dos híbridos experimentais F₁ quanto a resistência ao ToYVSV, foi adotado o delineamento de blocos ao acaso, com 50 tratamentos, três repetições e 40 plantas por parcela. Os tratamentos constituíram-se de 39 híbridos experimentais e 11 testemunhas, as quais foram utilizados como padrões referenciais de resistência e suscetibilidade ao ToYVSV (Tabela 2). As repetições ou blocos foram espaçados no tempo (temporais), a cada 30 dias, visando otimizar a infraestrutura disponível.

3.3.2 Transmissão do patógeno

Para a transmissão do patógeno, casualizaram-se os tratamentos nas bandejas através de sorteio. Após a semeadura, as bandejas foram mantidas em local isolado de patógenos e pragas até o segundo par de folhas definitivas.

Tabela 2 - Fontes resistentes e suscetíveis, híbridos experimentais F₁ e testemunhas de tomate do segmento salada avaliados para resistência ao *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV.

Fontes			
Linhagens resistentes		Linhagens suscetíveis	
	06-4554-1		07-4134
	06-4563-2		07-4158
	06-4567-1		07-4169
	06-4572-2		07-4178
	07-4043-2		
	07-4046-3		
Híbridos experimentais			
Nº	Resistente x Resistente	Nº	Resistente x Suscetível
HE-1	06-4554-1 X 06-4563-2	HE-16	06-4554-1 X 07-4134
HE-2	06-4567-1 X 06-4554-1	HE-17	06-4554-1 X 07-4158
HE-3	06-4554-1 X 06-4572-2	HE-18	06-4554-1 X 07-4169
HE-4	07-4043-2 X 06-4554-1	HE-19	06-4554-1 X 07-4178
HE-5	06-4554-1 X 07-4046-3	HE-20	06-4563-2 X 07-4134
HE-6	06-4563-2 X 06-4567-1	HE-21	06-4563-2 X 07-4158
HE-7	06-4572-2 X 06-4563-2	HE-22	06-4563-2 X 07-4169
HE-8	06-4563-2 X 07-4043-2	HE-23	06-4563-2 X 07-4178
HE-9	07-4046-3 X 06-4563-2	HE-24	06-4567-1 X 07-4134
HE-10	06-4567-1 X 06-4572-2	HE-25	06-4567-1 X 07-4158
HE-11	07-4043-2 X 06-4567-1	HE-26	06-4567-1 X 07-4169
HE-12	06-4567-1 X 07-4046-3	HE-27	06-4567-1 X 07-4178
HE-13	06-4572-2 X 07-4043-2	HE-28	06-4572-2 X 07-4134
HE-14	07-4046-3 X 06-4572-2	HE-29	06-4572-2 X 07-4158
HE-15	07-4043-2 X 07-4046-3	HE-30	06-4572-2 X 07-4169
		HE-31	06-4572-2 X 07-4178
		HE-32	07-4043-2 X 07-4134
		HE-33	07-4043-2 X 07-4158
		HE-34	07-4043-2 X 07-4169
		HE-35	07-4043-2 X 07-4178
		HE-36	07-4046-3 X 07-4134
		HE-37	07-4046-3 X 07-4158
		HE-38	07-4046-3 X 07-4169
		HE-39	07-4046-3 X 07-4178
Testemunhas			
‘	Suscetíveis	Nº	Resistentes
40	Alambra	45	Dominador
41	Torino	46	Tyler
42	Carmen	47	Nun 4044
43	Aplauso	48	Nun 4045
44	Giovana	49	Ty Fanny
		50	Ellen

Após o surgimento do segundo par de folhas definitivas, as mudas foram inoculadas com o ToYVSV utilizando-se moscas-brancas infectadas com o patógeno. Durante sete dias, as bandejas foram mantidas nas gaiolas em duas salas climatizadas de 12 m² cada, com temperatura de 28 °C e 60 % de umidade relativa do ar (Figura 3).

Durante o período de transmissão, as mudas de tomate foram agitadas duas vezes por dia para forçar a circulação das moscas-brancas vetoras, de modo a proporcionar uma inoculação eficaz e uniforme do patógeno. Com a finalidade de se evitar infecção indesejada por bactéria durante a fase de inoculação nos *cages*, as plantas de tomate foram tratadas com solução bactericida.



Figura 3 - Transmissão do isolado de *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV) para as mudas de tomate, por meio de mosca-branca (*Bemisia tabaci*) biótipo B infectadas e mantidas em plantas de tomate e berinjela em condição controlada (*cages*). Paulínia, SP, 2008.

O transplante das mudas de tomate para casa de vegetação foi feito em sistema adensado, no qual cada parcela experimental constituiu-se de 2 metros quadrados com 40 plantas cada, distribuídas em quatro linhas, com espaçamento de 0,20 metros entre linhas e plantas (Figura 4). O solo foi previamente preparado e adubado conforme recomendação da análise química do solo (Anexo 1). A adubação de cobertura foi feita por fertirrigação duas vezes por semana, com a aplicação de solução nutritiva hidrossolúvel via gotejamento. Os cuidados com a adubação visaram suprir as necessidades nutricionais das plantas e evitar possíveis semelhanças entre sintomas de deficiência nutricional e aqueles causados pelo geminivírus (ToYVSV). Fez-se o controle fitossanitário de pragas e doenças fúngicas e bacterianas conforme a necessidade local da cultura do tomate.



Figura 4 - Plantio das mudas de tomate inoculadas com o isolado de *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV). Paulínia, SP, 2007.

Avaliou-se a reação de resistência ao ToYVSV aos 15 e aos 30 dias após o transplante das mudas, onde as plantas com sintomas foram eliminadas e, ao final das avaliações, contou-se o número de plantas sem sintomas, cujos resultados foram convertidos em porcentagem. As plantas sintomáticas foram contadas e descartadas a cada avaliação, considerando-se os sintomas fenotípicos característicos da doença: aparecimento de clorose foliar, clareamento das nervuras primárias e secundárias, deformação do limbo foliar e nanismo (Figura 5).

O critério adotado para a avaliação da porcentagem de infecção de sintomas de geminivírus (ToYVSV) em condições de casa de vegetação foi qualitativo, ou seja, presença ou ausência de sintomas, não importando a severidade dos mesmos.

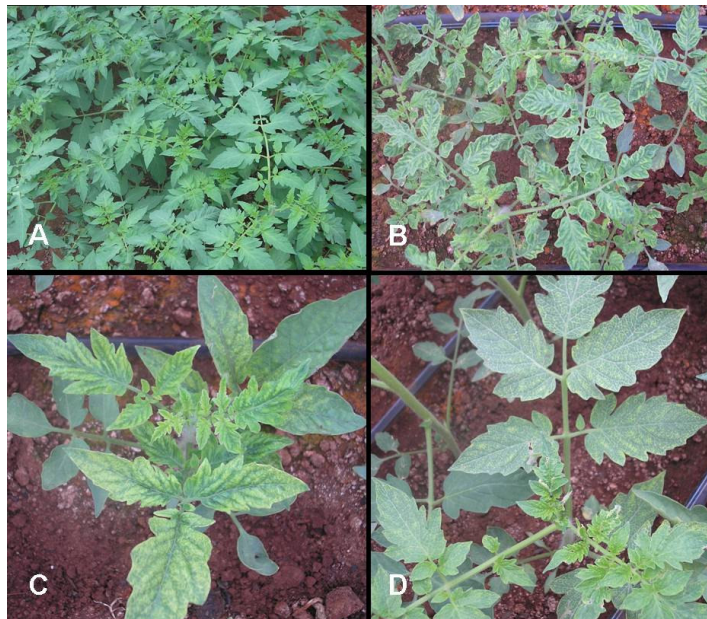


Figura 5 - Sintomas foliares do geminivírus de *Tomato yellow vein streak virus* (ToYVSV). (A) Plantas sem sintomas; (B), (C) e (D) Plantas com sintomas. Paulínia, SP, 2008.

3.3.3 Desempenho agrônômico dos híbridos experimentais

Para a avaliação do potencial agrônômico dos híbridos experimentais F_1 em campo foram utilizados 25 dos 39 híbridos experimentais F_1 , devido à falta de sementes remanescentes. Os híbridos experimentais F_1 avaliados foram 1, 2, 4, 6, 9, 10, 11, 12, 14, 16, 17, 20, 21, 23, 24, 25, 26, 27, 32, 33, 34, 35, 36, 37 e 38.

Para avaliação de campo, o delineamento utilizado foi blocos ao acaso, com 36 tratamentos, sendo 25 híbridos experimentais e as mesmas 11 testemunhas (Tabela 2), utilizados como padrões referenciais de desempenho agrônômico. O ensaio foi realizado em condições de campo, com quatro repetições e 10 plantas por parcela com espaçamento de 1,60 m entre linhas e 0,40 m entre plantas na linha.

As mudas foram produzidas em bandejas de poliestireno expandido de 128 células com substrato de fibra de coco. O transplante para o local definitivo foi feito quando as mudas estavam com 3 a 4 folhas definitivas. Utilizou-se sistema de condução adotado em plantios comerciais de tomate de mesa (envarado). A adubação de plantio foi feita de acordo com o recomendado da análise química de solo (Anexo 2) e a

adubação de cobertura foi feita por fertirrigação no sistema de gotejamento. O controle de pragas e doenças foi realizado de acordo com as necessidades locais e recomendadas para a cultura do tomate.

As avaliações foram realizadas com base em 10 (dez) plantas por parcela contendo quatro repetições. Os dados foram anotados individualmente por planta e as médias foram calculadas por parcela.

A avaliação agronômica em campo foi baseada nas seguintes características agronômicas de planta:

- a) Produção de frutos por planta (PF): foram pesados todos os frutos de cada planta da parcela, obtendo-se a média por parcela, em quilogramas/planta.
- b) Número de frutos por planta (NF): foi contado o número de frutos de cada planta da parcela, obtendo-se a média por parcela, em número de frutos/planta.
- c) Número de pencas por planta (NP): foi contado o número de pencas de todas as plantas da parcela, obtendo-se o número médio de pencas/planta.
- d) Distância da primeira penca (DP): foi medida a distância entre a primeira penca e o nível do solo de todas as plantas da parcela, obtendo-se a distância média por parcela, em centímetros.
- e) Altura de planta (AP): foi medida a altura de todas as plantas da parcela, obtendo-se a média por parcela, em metros.
- f) Comprimento do fruto (CF): com o auxílio de paquímetro, foi medido o comprimento de cinco frutos de cada planta da parcela, obtendo-se a média por parcela, em centímetros.
- g) Largura do fruto (LF): com o auxílio de paquímetro, foi medida a largura de cinco frutos de cada planta da parcela, obtendo-se a média por parcela, em centímetros.

3.4 Análises Genético-Estatísticas

3.4.1 Análise de variância

A análise de variância foi feita através do programa Genes versão 2007 (CRUZ, 2006).

Foram realizadas duas análises de variância. A primeira analisou os dados médios da parcela de cada um dos 50 tratamentos (39 híbridos experimentais + 11 testemunhas) referentes à reação de resistência ao ToYVSV. Visando à normalidade dos

resultados, foi feita a transformação em arco seno $\sqrt{\%/100}$ para a porcentagem de plantas sem sintomas de geminivírus - ToYVSV.

A segunda ANAVA analisou os dados médios da parcela de sete caracteres mensurados no experimento de avaliação do desempenho agrônômico dos híbridos experimentais, em 36 tratamentos (25 híbridos experimentais + 11 testemunhas).

O modelo estatístico de ambas as análises é descrito a seguir e o esquema é mostrado na tabela 3.

$$Y_{ij} = m + t_i + b_j + \varepsilon_{ji}$$

Em que:

Y_{ij} : valor da observação do i-ésimo tratamento no i-ésimo bloco;

m : média geral;

t_i : efeito fixo do i-ésimo tratamento;

b_j : efeito do j-ésimo bloco;

ε_{ji} : erro experimental.

Tabela 3 - Esquema da análise de variância em blocos casualizados com as esperanças dos quadrados médios (QM) da reação de resistência ao *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV e do desempenho agrônômico de híbridos de tomate de mesa do segmento salada.

Fonte de variação	GL	QM	F
Bloco	r-1	QM _B	
Tratamento	t-1	QM _T	QM _T /QM _R
Resíduo	(r-1)(t-1)	QM _R	

Onde:

r: número de repetições;

t: número de genótipos;

As estimativas do coeficiente de variação (CV%) foram obtidas por meio da seguinte fórmula:

$$CV\% = \frac{100\sqrt{QM_R}}{m}$$

Em que:

m: média geral.

Havendo diferenças entre tratamentos, realizou-se o teste F para cada uma das sete características avaliadas. Constatando-se o valor de F significativo, fez-se o teste de Scott-Knott (SCOTT & KNOTT, 1974), ao nível de 5%. Utilizou-se o programa Genes para as análises genético-estatísticas (CRUZ, 2006).

3.4.2 Análise dialélica parcial

As análises de capacidade combinatória foram realizadas de acordo com o método experimental 4 proposto por GRIFFING (1956b), e adaptado por GERALDI & MIRANDA FILHO (1988), onde foram incluídos somente os híbridos ($F_1=24$ resistentes x suscetíveis), sem incluir os recíprocos e genitores, sendo o material experimental considerado um conjunto fixo de linhagens (genitores). No modelo adaptado, faz-se o desdobramento da soma de quadrado dos tratamentos em soma de quadrados para capacidade geral de combinação (CGC) dos grupos um e dois e para capacidade específica de combinação (CEC). Nesse caso, tiveram-se dois grupos de genitores: d_1 e d_2 , com 6 e 4 genitores resistentes e suscetíveis ao geminivírus - ToYVSV, respectivamente.

O modelo estatístico adotado é descrito abaixo e o esquema de análise de variância mostrado na tabela 4.

$$Y_{ij} = \mu + \frac{1}{2} (d_1 + d_2) + g_i + g_j + s_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Em que:

Y_{ij} = média do cruzamento envolvendo o i -ésimo genitor do grupo I e o j -ésimo genitor do grupo II;

μ = média geral do dialelo;

d_1, d_2 = contrastes envolvendo médias dos grupos I e II e a média geral;

g_i = efeito da capacidade geral de combinação do i -ésimo genitor do grupo I;

g_j = efeito da capacidade geral de combinação do j -ésimo genitor do grupo II;

s_{ij} = efeito da capacidade específica de combinação;

ε_{ijk} = erro experimental médio.

Nesse modelo considera-se que $s_{ij} = s_{ji}$.

Quando $i=j$, tem-se o efeito da capacidade específica de combinação (CEC) de um genitor cruzado consigo mesmo (\hat{s}_{ij}); quando $i \neq j$, tem-se o efeito da CEC de um híbrido obtido a partir de dois parentais cruzados entre si.

Tabela 4 - Esquema da análise de variância para capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC) de linhagens (genótipos) de tomate do segmento salada quanto à reação de resistência ao *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV.

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F
Tratamento	pq+p+q-1	SQ _{Tr}	QM _{Tr}	
Grupo	1	SQ _G	QM _G	QM _G /QM _R
CGC – Grupo I	p-1	SQ _{CGC1}	QM _{CGC1}	QM _{CGC1} /QM _R
CGC – Grupo II	q-1	SQ _{CGC2}	QM _{CGC2}	QM _{CGC2} /QM _R
CEC	pq	SQ _{CEC}	QM _{CEC}	QM _{CEC} /QM _R
Resíduo	m		QM _R	

Em que:

p = número de genótipos do grupo I (genitores resistentes);

q = número de genótipos do grupo II (genitores suscetíveis);

m = número de graus de liberdade do resíduo.

As estimativas dos componentes quadráticos referentes a CGC e CEC foram calculadas por meio das seguintes equações (CRUZ & REGAZZI, 1997).

$$\phi_g = \frac{QMG - QMR}{p - 2} \quad e \quad \phi_s = QMS - QMR$$

Em que:

QMG = quadrado médio da CGC;

QMS = quadro médio da CEC;

QMR = quadro médio do resíduo;

p = número de genótipos.

3.4.3 Estimativas de heterose-padrão

A heterose, quando calculada em relação a uma cultivar comercial padrão, tem recebido diferentes denominações: porcentagem de heterose (BRAZ, 1982), heterose padrão (MELO, 1987), porcentagem de rendimento (MIRANDA, 1987; TAVARES, 1993), simplesmente heterose (SINHA & KHANNA, 1975).

Foram calculados os valores da heterose-padrão (H_{hp}) para porcentagem de plantas sem sintomas de ToYVSV de 39 híbridos experimentais, em relação ao híbrido F_1 Dominador, padrão comercial do segmento salada e de resistência ao ToYVSV.

Foi estimada também a heterose-padrão para produção de frutos por planta de 25 híbridos experimentais, em relação ao híbrido F_1 Aplauso, padrão comercial de produtividade do segmento salada.

Os valores heteróticos, expressos em porcentagem (%), foram obtidos por meio da aplicação da seguinte fórmula:

$$H_{hp} (\%) = \frac{\bar{F}_1 - hp}{hp} \times 100$$

onde:

H_{hp} : heterose em relação ao híbrido padrão ($hp = 100\%$), expressa em porcentagem;

\bar{F}_1 : média do caráter para cada híbrido;

hp : híbrido padrão.

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Reação dos Híbridos F₁ ao Isolado de ToYVSV

4.1.1 Análise de variância

Os valores e respectivas significâncias dos quadrados médios (QM), coeficiente de variação (CV) e graus de liberdade (GL) da análise de variância da porcentagem de plantas sem sintomas de geminivírus - ToYVSV encontram-se na tabela 5.

Os quadrados médios dos tratamentos foram significativos pelo teste F ($P < 0,01$), mostrando a existência de variabilidade entre os híbridos experimentais F₁. MATOS (2001), avaliando a resistência do mesmo geminivírus (ToYVSV) entre outros genótipos de tomate, também encontrou variação genética entre os tratamentos.

O coeficiente de variação foi de 27,19%, resultado esperado devido ao fato do experimento ter sido feito com três repetições temporais, ou seja, a cada 30 dias, no período de dezembro/2007 a fevereiro/2008. Mesmo tendo sido realizadas no mesmo local, o fato de ter sido em épocas diferentes, promoveu o aumento da influência de variações ambientais não controláveis sobre o caráter avaliado. No entanto, esse delineamento não afetou a precisão das avaliações, mostrando a validade do método utilizado.

Tabela 5 - Resumo da análise da variância dos dados de porcentagem de plantas sem sintomas do geminivírus *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV em híbridos de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008.

Fonte de variação	GL	QM	F
Bloco	2	1822,396	13,9047**
Tratamento	49	679,070	5,1812**
Resíduo	98	131,063	
Média		42,09	
CV (%)		27,19	

** significativo pelo teste F ($P < 0,01$).

O método de inoculação do patógeno utilizando gaiolas com plantas previamente infectadas com mosca-branca, mostrou-se apropriado e, segundo PICÓ et al. (1998) parece ser o método mais eficiente para seleção de plantas resistentes ao TYLCV. Segundo HUNTER et al. (1998), mesmo com transmissão eficiente do geminivírus pela mosca-branca, pode ocorrer manifestação variável dos sintomas

devido às condições de ambiente e do estágio vegetativo das plantas. Portanto, para esses autores, e também de acordo com TORRES & MARINGONI (1999), um eficiente método de inoculação deve levar em consideração critérios como a discriminação entre genótipos resistentes e suscetíveis, a rapidez e a uniformidade nas reações das plantas inoculadas, a repetibilidade, além de ser de fácil execução e com inexistência de escape.

As médias de porcentagem de plantas sem sintomas ou assintomáticas para o isolado de geminivírus (ToYVSV) avaliados são apresentadas na tabela 6. De modo geral, as médias variaram de 6,41 a 88,22%. Através do resultado da análise do teste de Scott-Knott foi possível dividir as médias dos genótipos em três grupos distintos, evidenciando a grande variabilidade genética dos híbridos experimentais avaliados quanto à resistência e suscetibilidade ao isolado do ToYVSV predominante na região de cultivo de tomate de Campinas, SP (Tabela 6). Resultados similares foram obtidos por MATOS et al. (2003), cujo trabalho mostrou a existência de variabilidade genética do gênero *Solanum* para resistência ao ToYVSV testando material que incluiu híbrido comercial resistente ao TYLCV ao vírus testado, genitores selvagens e populações de origem interespecífica com níveis variáveis de resistência ao patógeno.

No primeiro grupo aglomerativo das médias, somente os híbridos experimentais HE-15 e HE-5 ficaram classificados, destacando-se como os genótipos mais resistentes, com respectivamente 88,22 e 87,52% de plantas sem sintomas, ficando à frente das testemunhas padrão de resistência (Tabela 6).

No segundo agrupamento, as médias variaram de 45,12 a 84,64%. Nesse grupo vale destacar os genótipos com porcentagens maiores que 80% de plantas sem sintomas. Entre os híbridos experimentais, HE-11 (82,20%), HE-4 (80,60%) e HE-32 (80,22%) mostraram alto nível de resistência. Classificaram-se também nesse grupo todas as testemunhas adotadas como padrões de resistência ao geminivírus - ToYVSV, cujas médias variaram de 58,70% (Ellen) a 84,64% (Dominador), (Tabela 6).

O híbrido F₁ comercial Dominador comprovou sua alta resistência ao geminivírus (ToYVSV). Esse híbrido F₁ vem se destacando pelo excelente desempenho nas principais regiões produtoras de tomate de mesa no Brasil, onde há grande incidência de mosca-branca e geminivírus.

Tabela 6 - Médias de porcentagem de plantas sem sintomas de geminivírus *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV em híbridos experimentais (HE) de tomate de mesa. Paulínia, SP, 2008.

Genótipo	Plantas sem sintomas (%)	Grupo de médias ¹	Genótipo	Plantas sem sintomas (%)	Grupo de médias ¹
HE-15	88,22	A	HE-27	53,50	B
HE-5	87,52	A	HE-36	52,53	B
Dominador ²	84,64	B	HE-30	52,38	B
HE-11	82,20	B	HE-31	51,28	B
Nun 4045 ²	80,92	B	HE-13	50,00	B
HE-4	80,60	B	HE-1	48,91	B
HE-32	80,22	B	HE-3	48,84	B
HE-2	79,51	B	HE-29	47,56	B
HE-33	79,41	B	HE-28	45,38	B
HE-6	79,30	B	HE-34	45,12	B
HE-9	75,84	B	HE-19	41,59	C
HE-26	74,77	B	HE-38	37,88	C
Nun4044 ²	74,76	B	HE-7	33,61	C
HE-25	74,69	B	HE-18	32,74	C
HE-8	74,35	B	HE-16	32,17	C
HE-10	72,99	B	HE-22	30,92	C
HE-35	70,40	B	Aplauso ³	30,18	C
HE-14	69,55	B	Carmen ³	29,12	C
Tyler ²	69,08	B	HE-20	24,17	C
HE-12	67,51	B	HE-39	22,73	C
HE-17	65,37	B	Giovana ³	22,50	C
HE-37	63,90	B	Torino ³	16,94	C
Ty Fanny ²	62,58	B	HE-23	16,78	C
HE-24	60,10	B	HE-21	13,55	C
Ellen ²	58,70	B	Alambra ³	6,41	C

¹ Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem significativamente entre si e pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o teste de Scott-Knott a 5%.

² Testemunha resistente; ³ Testemunha suscetível.

O terceiro grupo englobou os híbridos experimentais mais suscetíveis e as testemunhas suscetíveis ao ToYVSV, cujas médias variaram de 6,41 a 41,59% de plantas sem sintomas (Tabela 6). Os híbridos F₁ comerciais utilizados como testemunhas suscetíveis, confirmaram esta reação ao patógeno, apresentando baixas porcentagens de plantas sem sintomas foliares: Aplauso (30,18%), Carmen (29,12%), Giovana (22,50%), Torino (16,94%) e Alambra (6,41%).

A premissa básica do teste de Scott-Knott é a de que deve haver predomínio de variabilidade entre grupos e menos dentro dos grupos de médias, o que pode ser observado nos resultados acima. No entanto, é preciso destacar que, exceto no grupo A, contendo apenas os dois híbridos experimentais, os mais resistentes, houve também notável amplitude de variação entre as médias de tratamentos dos agrupamentos B e C, respectivamente de 39,52 e 35,18% (Tabela 6).

Como mostram os resultados apresentados e discutidos acima, observou-se grande variação no nível de resistência ao ToYVSV entre os 50 genótipos avaliados. Há autores, destacando-se ROM et al. (1993) e PILOWSKY & COHEN (1974) que consideram a resistência ao geminivírus como sendo do tipo tolerância.

Segundo ZAKAY et al. (1991), que caracterizaram acessos de tomate resistentes ao TYLCV, espécie que prevalece principalmente na Europa e Oriente Médio, uma das maiores dificuldades para a seleção de fontes de resistência de acessos de bancos de germoplasma relaciona-se com as variações do grau de severidade dos sintomas. Observaram ainda que, em plantas das espécies selvagens estudadas, os sintomas foram mais brandos quando comparados com cultivares comerciais.

De acordo com os catálogos virtuais disponíveis pelas empresas (AGRISTAR, 2009; SAKATA, 2009; SEMINIS, 2009) as testemunhas Dominador e Ty Fanny são resistentes ao TYLCV, enquanto que Tyler é moderadamente resistente ao ToRMV, também um geminivírus. Não é possível afirmar que a resistência desses híbridos comerciais seja dada somente pelo gene *Ty-1*, no entanto, esse tem sido, até o momento, o gene mais utilizado para a obtenção de resistência ao geminivírus. O gene *Ty-1* confere reação de resistência parcial contra distintas espécies de *Begomovirus* (SANTANA et al., 2001; MATOS et al., 2003; BOITEUX et al., 2007). Ele interfere na síntese da proteína viral responsável pela translocação do vírus na planta dificultando a disseminação sistêmica das partículas virais para as brotações mais jovens da planta (GIORDANO et al., 1994; MICHELSON et al., 1994; ZAMIR et al., 1994).

Embora não se tenha informações sobre a herança da resistência ao ToYVSV, a amplitude de resultados observada é devida à complexidade da resistência genética ao geminivírus, já relatada em diversos trabalhos. De acordo com PILOWSKY & COHEN (1974), no estudo da herança da resistência ao geminivírus TYLCV em tomateiro, utilizaram plantas de *L. pimpinellifolium* como genitor resistente e comprovaram que a resistência ao TYLCV foi controlada por um único gene com dominância incompleta, diferentemente de resultados obtidos por KASRAWI et al. (1988), que utilizou *L.*

pimpinellifolium como genitor resistente e constatou que a resistência foi condicionada por um único gene dominante, no entanto com dominância completa. Por sua vez, VIDAUSKY & CZOSNEK (1998), em cruzamentos de *L. esculentum* com *L. hirsutum*, observaram que a resistência ao TYLCV foi controlada por dois a três genes recessivos. HASSAN et al. (1984), relataram resistência recessiva ao TYLCV quando derivada de *L. cheesmanii*. Quando plantas de *L. hirsutum* foram utilizadas com genitor resistente, a resistência foi dominante e controlada por mais de um gene. FRIEDMANN et al. (1998), trabalhando com uma linhagem resistente ao TYLCV, oriunda de *L. peruvianum*, sugeriam uma resistência de dominância parcial e oligogênica.

Segundo DAUBÈZE et al. (1995), o retardamento na expressão da suscetibilidade sugere que a expressão dos genes de resistência seja incompleta ou de resistência parcial. Convém destacar que a avaliação precoce pode revelar fenótipos com reações intermediárias, mas somente na avaliação tardia é que se pode detectar e identificar genótipos altamente resistentes.

No Brasil, a seleção e obtenção de linhagens e híbridos F₁ com resistência ao geminivírus tem sido priorizada (GIORDANO et al., 1998; LOURENÇÃO et al., 2001; SANTANA et al., 2001; FERRAZ et al., 2003; MATOS et al., 2003; LOURENÇÃO et al., 2004). O uso de variedades comerciais de tomate resistentes ao geminivírus com níveis de resistência satisfatórios reduziria a necessidade do uso de substâncias químicas para o controle do vetor, pouparia o meio ambiente da contaminação por agrotóxicos e, além disso, seria oferecido ao consumidor um produto de qualidade superior.

4.2 Análise Dialélica Parcial

4.2.1 Análise de variância

A análise de variância dos dados de porcentagem de plantas sem sintomas de ToYVSV incluiu os híbridos F₁ resultantes de combinações entre dois grupos divergentes de genitores quanto à reação ao patógeno, a saber, resistentes e suscetíveis. Os valores e respectivas significâncias dos quadrados médios (QM), coeficiente de variação (CV) e graus de liberdade (GL) encontram-se na tabela 7.

Tabela 7 - Resumo da análise da variância dos dados de porcentagem de plantas sem sintomas do geminivírus *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV em híbridos de tomate de mesa do grupo salada obtidos de cruzamentos entre linhagens resistentes e suscetíveis. Paulínia, SP, 2008.

Fonte de variação	GL	QM	F
Bloco	2	625,598	4,250*
Tratamento	23	528,570	3,591**
Resíduo	42	147,158	
Média		45,721	
CV(%)		26,53	

* significativo pelo teste F ($P < 0,05$); ** significativo pelo teste F ($P < 0,01$).

O coeficiente de variação foi de 26,53%, resultado também esperado devido ao fato do experimento ter sido feito com três repetições temporais, ou seja, a cada 30 dias, no período de dezembro/2007 a fevereiro/2008. Mesmo tendo sido realizadas no mesmo local, o fato de ter sido em épocas diferentes, promoveu o aumento da influência de variações ambientais não controláveis sobre o caráter avaliado.

Os quadrados médios dos tratamentos foram significativos pelo teste F ($P < 0,01$), evidenciando a existência de variabilidade entre os híbridos F_1 para a característica avaliada, possibilitando a obtenção de estimativas satisfatórias dos parâmetros genéticos. Dessa forma foi desdobrada a soma de quadrados dos tratamentos nos efeitos de capacidade geral de combinação (CGC) e capacidade específica de combinação (CEC), cujos resultados são apresentados na tabela 8.

Diferenças significativas foram observadas para as estimativas da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) entre as linhagens de tomate do grupo I e para a capacidade específica de combinação (\hat{s}_{ij}) grupos I x II, indicando que os efeitos aditivos e os efeitos não aditivos foram importantes para a expressão da resistência ao geminivírus - ToYVSV, e que há divergência entre as linhagens de tomate do grupo I para essa característica.

Tabela 8 - Quadrados médios da capacidade geral de combinação (CGC) para os grupos I e II, e da capacidade específica de combinação (CEC) de um dialelo parcial de tomate de mesa visando resistência ao geminivírus *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV. Paulínia, SP, 2008.

Fonte de Variação	GL	SQ	QM	F
Híbridos F ₁	23	13350,75	580,46	3,944**
CGC (grupo I)	5	8343,30	1668,66	11,340*
CGC (grupo II)	3	482,25	160,75	1,092 ^{ns}
CEC (I x II)	15	4525,20	301,68	2,050*
Resíduo	42	6180,66	147,16	
Média			44,73	

* significativo pelo teste F (P<0,05); ** significativo pelo teste F (P<0,01); ns: não significativo.

A ocorrência de significância para a capacidade geral de combinação (CGC) e a capacidade específica de combinação (CEC) indica a existência de variabilidade entre os efeitos da CGC (\hat{g}_i), associados a efeitos gênicos aditivos, e entre os efeitos da CEC (\hat{s}_{ij}), associados aos não aditivos. Fato importante a ser observado está relacionado com a magnitude das somas de quadrados médios de CGC e CEC evidenciando que para o caráter analisado, a CGC (\hat{g}_i) foi superior a CEC (\hat{s}_{ij}) enfatizando uma grande contribuição da ação gênica aditiva para resistência ao geminivírus – ToYVSV. Resultados similares foram obtidos por NIZIO (2008), para a expressão da produção total de frutos de tomate.

Os valores dos quadrados médios referentes aos cruzamentos foram altamente significativos (P<0,01) e os valores dos quadrados médios referentes à CGC do grupo I e à CEC (\hat{s}_{ij}) foram significativos (P<0,05). Esses resultados possibilitam a obtenção de novas linhagens, a partir do melhoramento intrapopulacional combinando os genitores superiores.

De acordo com AMARAL JÚNIOR et al. (1996) é possível a obtenção de novos híbridos F₁ a partir das linhagens utilizadas em muitos estudos, tendo em vista a disponibilidade de variabilidade aditiva e não aditiva.

A constatação da maior importância da CGC (\hat{g}_i) para o caráter primário da resistência ao geminivírus em tomates indica boa precisão nas estimativas dos híbridos preditos, uma vez que esta é feita somando-se a estimativa da média geral às estimativas das CGCs (\hat{g}_i) das linhagens envolvidas.

O valor do quadrado médio referente à CGC do grupo II das linhagens de tomate suscetíveis não foi significativo, revelando que os efeitos aditivos foram de baixa magnitude, mostrando menor divergência entre os genótipos suscetíveis quando comparados aos resistentes (Tabela 8). O resultado demonstra que a menor divergência genética entre as linhagens suscetíveis é devida ao fato de terem *background* genotípico comum para o caráter estudado, ou seja, não possuem genes de resistência ao ToYVSV.

GUNASEKERA & PERERA (1999), DOD et al. (1992) e SRIVASTAVA et al. (1998) também obtiveram resultados significativos para efeitos de CGC e CEC para produção e caracteres de frutos de tomate.

Sabe-se que altas estimativas de \hat{g}_i , em valores absolutos, ocorrem para genótipos cujas frequências de alelos favoráveis são maiores ou menores do que a frequência média dos alelos em todos os genótipos analisados e que essas estimativas indicam a importância dos efeitos aditivos dos genes (VENCOVSKY, 1970).

Dessa forma, as linhagens poderão ser utilizadas em diferentes programas de melhoramento, quando o objetivo for a obtenção de cultivares resistentes ao ToYVSV.

4.2.2 Efeitos da capacidade geral de combinação

As estimativas dos efeitos da CGC (\hat{g}_i) dos genitores e as estimativas dos efeitos da CEC (\hat{s}_{ij}) dos híbridos experimentais F_1 encontram-se nas tabelas 9 e 10.

A escolha dos genitores para a formação das populações segregantes é crucial para a obtenção de êxito nos programas de melhoramento, sendo a capacidade combinatória, com presença de genes complementares, a grande responsável pelo sucesso. De acordo com MIRANDA et al. (1988a), os genitores que apresentarem elevadas CGC devem ser preferidos para constituírem os blocos de cruzamentos, favorecendo a seleção de linhagens homozigotas em espécies autógamas. As estimativas dos efeitos da CGC proporcionam informações sobre a concentração e a importância de genes de efeitos aditivos (SPRAGUE & TATUM, 1942).

Os efeitos da CGC de cada linhagem resistente de tomate ao ToYVSV permitem afirmar que há comportamento diferencial entre as mesmas (Tabela 9). Os genitores com estimativas de \hat{g}_i altas e negativas foram os que mais contribuíram para o aumento da expressão da resistência ao geminivírus - ToYVSV.

As estimativas da CGC (\hat{g}_i) entre as linhagens de tomate resistentes (grupo I) variaram de -11,463 a 19,030. Assim, os genitores que mais contribuíram para o aumento da resistência ao geminivírus (ToYVSV) foram os que apresentaram valores

negativos elevados, destacando-se as linhagens resistentes 07-4043-2, 06-4567-1 e 06-4572-2 com estimativas de -11,463, -10,194 e -7,104, respectivamente, com maior ênfase para a linhagem 07-4043-2 que promoveu a maior contribuição da CGC para o caráter em estudo.

Tabela 9 - Estimativas do efeito da capacidade geral de combinação (\hat{g}_i) de genitores resistentes e suscetíveis de tomate de mesa visando resistência ao geminivírus *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV. Paulínia, SP, 2008.

Genitor resistente	Efeito (\hat{g}_i)	Genitor suscetível	Efeito (\hat{g}_i)
06-4554-1	4,848	07-4134	0,875
06-4563-2	19,030	07-4158	-4,052
06-4567-1	-10,194	07-4169	0,078
06-4572-2	-7,104	07-4178	3,099
07-4043-2	-11,463		
07-4046-3	4,883		

De acordo com VENCOVSKY (1987), as estimativas de \hat{g}_i têm sido de grande valia para a seleção de genitores em programas de melhoramento genético, pois estimativas altas de \hat{g}_i geralmente são expressas por genótipos com a maior frequência de alelos favoráveis.

Conforme CRUZ & REGAZZI (1997), estimativa muito baixa de \hat{g}_i indica que a CGC do genitor i com base em seus cruzamentos não difere da média geral do dialélico. Por outro lado, valores elevados de \hat{g}_i , positivos ou negativos, revelam que o genitor i é muito superior ou inferior, respectivamente, aos demais genitores do dialélico. No presente trabalho o interesse foi por genitores com efeitos negativos de \hat{g}_i , os quais estão relacionados à maior resistência ao isolado de ToYVSV utilizado. Assim, os genitores com valores positivos para CGC não contribuíram para a resistência, resultado esperado para o grupo de linhagens genitoras suscetíveis (Tabela 9).

4.2.3 Efeitos da capacidade específica de combinação

As estimativas dos efeitos da CEC (\hat{s}_{ij} e \hat{s}_{ii}) dos híbridos experimentais F_1 (Tabela 10) mostram o comportamento diferencial entre os mesmos para o caráter estudado.

De acordo com GOMES (2000), os efeitos da CEC ($\hat{\delta}_{ij}$) podem ser interpretados como o desvio de um híbrido em relação ao que seria esperado com base na capacidade geral de combinação (CGC) das linhagens genitoras.

As estimativas dos efeitos da CEC ($\hat{\delta}_{ij}$) proporcionam informações sobre a concentração de genes não aditivos como dominantes e de epistasia, assim, a capacidade específica de combinação (CEC) é, em grande parte, dependente de genes que mostrem tais efeitos (SPRAGUE & TATUM, 1942). Portanto, os híbridos experimentais F_1 com estimativas altas e negativas de $\hat{\delta}_{ij}$ foram os que mais se destacaram para o aumento da expressão da resistência ao geminivírus (ToYVSV).

Tabela 10 - Estimativas do efeito da capacidade específica de combinação (CEC) dos híbridos experimentais entre linhagens resistentes e suscetíveis de tomate de mesa visando resistência ao geminivírus *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV. Paulínia, SP, 2008.

Híbrido F_1	Efeito ($\hat{\delta}_{ij}$)	Híbrido F_1	Efeito ($\hat{\delta}_{ij}$)
HE-16 (06-4554-1 x 07-4134)	5,416	HE-28 (06-4572-2 x 07-4134)	9,155
HE-17 (06-4554-1 x 07-4158)	-9,875	HE-29 (06-4572-2 x 07-4158)	12,885
HE-18 (06-4554-1 x 07-4169)	5,435	HE-30 (06-4572-2 x 07-4169)	-9,870
HE-19 (06-4554-1 x 07-4178)	-0,975	HE-31 (06-4572-2 x 07-4178)	-12,171
HE-20 (06-4563-2 x 07-4134)	-2,928	HE-32 (07-4043-2 x 07-4134)	-7,801
HE-21 (06-4563-2 x 07-4158)	10,481	HE-33 (07-4043-2 x 07-4158)	-3,154
HE-22 (06-4563-2 x 07-4169)	-6,560	HE-34 (07-4043-2 x 07-4169)	14,518
HE-23 (06-4563-2 x 07-4178)	-0,993	HE-35 (07-4043-2 x 07-4178)	-3,556
HE-24 (06-4567-1 x 07-4134)	3,404	HE-36 (07-4046-3 x 07-4134)	-7,240
HE-25 (06-4567-1 x 07-4158)	-1,314	HE-37 (07-4046-3 x 07-4158)	-9,021
HE-26 (06-4567-1 x 07-4169)	-7,445	HE-38 (07-4046-3 x 07-4169)	3,922
HE-27 (06-4567-1 x 07-4178)	5,356	HE-39 (07-4046-3 x 07-4178)	12,339

A análise mostra que dos 24 híbridos experimentais F_1 obtidos por meio de cruzamentos entre genitores resistentes e suscetíveis de tomate ao geminivírus, 14 combinações apresentaram valores negativos de CEC ($\hat{\delta}_{ij}$), mostrando a existência de divergência genética entre os genitores, contribuindo para a amplitude de variação da expressão de resistência ao ToYVSV.

Os estudos envolvendo a capacidade específica de combinação (CEC) em relação às doenças são escassos. Na revisão feita apenas dois trabalhos foram encontrados. No primeiro deles, RAO et al. (2007) avaliaram a capacidade específica de

combinação (CEC) de híbridos F_1 de tomate obtidos entre genitores resistentes e suscetíveis à requeima (*Phytophthora infestans*). As combinações Feb-2 x Pusa Sheetal e Feb-2 x Pusa Gaurav, destacaram-se pela melhor CEC em relação à moderada resistência ao patógeno e produtividade. No segundo trabalho, KUMARESAN & NADARAJAN (2002) avaliaram híbridos experimentais de gergelim, destacando o híbrido Si 3315/11 x SVPR 1 com melhor CEC para resistência ao oídio (*Oidium acanthospermi*).

Para CRUZ & REGAZZI (1997), os maiores valores de CEC são de genótipos mais dissimilares nas frequências dos genes com dominância, embora sejam também influenciados pela frequência gênica média do dialélico. Baixos valores de \hat{s}_{ij} indicam que os híbridos apresentam comportamento conforme o esperado com base na CGC, enquanto que elevados valores absolutos de CEC (s_{ij}) revelam um desempenho melhor ou pior do que o esperado. No presente estudo, buscaram-se combinações com efeitos de CEC negativos elevados, pois contribuem para a diminuição do número de plantas sem sintomas, ou seja, para o aumento da expressão resistência ao geminivírus - ToYVSV.

Nesse aspecto, destacaram-se os híbridos experimentais F_1 06-4572-2 x 07-4178 (HE-31), 06-4554-1 x 07-4158 (HE-17), 06-4572-2 x 07-4169 (HE-30) e 07-4046-3 x 07-4158 (HE-37), com valores de -12,171, -9,875, -9,870, e -9,021, respectivamente, para o caráter resistência ao geminivírus (Tabela 10).

Segundo GRIFFING (1956a) a melhor combinação híbrida deve ser aquela com maior \hat{s}_{ij} e cujos parentais apresentem alta CGC. Por sua vez, para PAINI et al. (1996), são de interesse para o melhoramento combinações híbridas com elevadas estimativas de \hat{s}_{ij} e que envolvam pelo menos um genitor com maior \hat{g}_i . Desse modo, os cruzamentos entre 06-4554-1 x 07-4158 e 07-4046-3 x 07-4158 tendem a ser os mais promissores por apresentar altas estimativas de CEC e alta CGC do genitor 07-4158 para resistência ao geminivírus - ToYVSV (Tabelas 9 e 10).

4.2.4 Estimativas de heterose-padrão

Na tabela 11 são apresentados os valores médios de heterose-padrão obtidos para os 39 híbridos experimentais F_1 , em relação à média do híbrido F_1 Dominador, empregado como híbrido comercial padrão.

De acordo com VENCOVSKY & BARRIGA (1992), quando um híbrido exibe heterose pode-se dizer que existe determinado nível de dominância nos locos cuja

atividade interfere no caráter ou que ela ocorre em uma parcela desses locos. Para CRUZ & REGAZZI (1997), a maior heterose revelada pela combinação híbrida resulta em maior probabilidade de resgate de indivíduos superiores nas suas populações segregantes.

Tabela 11 - Médias de porcentagem de plantas sem sintomas do geminivírus *Tomato yellow vein streak virus* - ToYVSV e heterose-padrão (H_{hp}) em híbridos experimentais (HE) de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008.

Híbrido	Plantas sem sintomas (%)	H_{hp} (%)	Híbrido	Plantas sem sintomas (%)	H_{hp} (%)
HE-1	48,91	-33,71	HE-21	13,55	-79,75
HE-2	79,51	-5,75	HE-22	30,92	-49,53
HE-3	48,84	-33,77	HE-23	16,78	-63,87
HE-4	80,60	-4,57	HE-24	60,10	-24,05
HE-5	87,52	3,55	HE-25	74,69	-10,67
HE-6	79,30	-5,96	HE-26	74,77	-10,58
HE-7	33,61	-47,06	HE-27	53,50	-29,76
HE-8	74,35	-10,99	HE-28	45,38	-36,72
HE-9	75,84	-9,52	HE-29	47,56	-34,86
HE-10	72,99	-12,31	HE-30	52,38	-30,73
HE-11	82,20	-2,82	HE-31	51,28	-31,67
HE-12	67,51	-17,45	HE-32	80,22	-4,99
HE-13	50,00	-32,76	HE-33	79,41	-5,86
HE-14	69,55	-15,57	HE-34	45,12	-36,95
HE-15	88,22	4,48	HE-35	70,40	-14,78
HE-16	32,17	-48,38	HE-36	52,53	-30,60
HE-17	65,37	-19,39	HE-37	63,90	-20,71
HE-18	32,74	-47,85	HE-38	37,88	-43,25
HE-19	41,59	-39,40	HE-39	22,73	-57,46
HE-20	24,17	-55,60			
Dominador (HP)	84,64	100,00	Dominador (HP)	84,64	100,00

Destacaram-se como mais resistentes que o híbrido padrão, os híbridos experimentais HE-15 e HE-5, com valores heteróticos médios de 4,48 e 3,55, respectivamente (Tabela 11). Para a resistência ao isolado de ToYVSV, verificou-se que, exceto para estes dois híbridos experimentais, os demais apresentaram heterose padrão negativa, mostrando o alto nível de resistência do híbrido Dominador e o potencial dos híbridos experimentais HE-15 e HE-5.

Segundo MAYO (1980), as manifestações heteróticas exibidas por esses dois híbridos podem ser devidas à complementação entre os locos relacionados à resistência ao isolado de ToYVSV utilizado.

As pesquisas de heterose envolvendo doenças do tomateiro também são escassas embora tenham sido encontrados mais resultados do que para capacidade específica de combinação (CEC). Há dois estudos sobre a ocorrência de heterose relacionada com o geminivírus TYLCV. No primeiro deles, MAZYAD et al. (2007) avaliaram cinco híbridos obtidos entre cinco genitores suscetíveis e Favi-9, derivado de *L. hirsutum* Dunal (atual *Solanum habrochaites* S. Knapp) resistente ao TYLCV. As estimativas de heterose em relação aos pais para resistência, mostraram a superioridade dos híbridos Marmande x Favi-9 e Castle Rock x Favi-9, com 14,9% e 128,7%, respectivamente. Ao mesmo tempo, para o híbrido experimental Castle Rock x Favi-9 foi verificada endogamia de -27,66%.

No segundo estudo, SHANKARAPPA et al. (2008) avaliaram vinte híbridos obtidos entre variedades resistentes ao TYLCV e genótipos com características agrônômicas superiores. Os resultados de heterose para os três híbridos que se mostraram resistentes em condições de alta pressão do inóculo indicaram aumento da resistência, produtividade e qualidade do fruto, quando comparados com o híbrido padrão.

Além dos relatos acima, KHALIL et al. (1988) estudaram várias características em dez híbridos de tomate, dentre elas resistência ao nematóide (*Meloidogyne incognita*) e observaram heterose negativa em relação ao pai menos infectado. Por sua vez, RAO et al. (2007) avaliaram a heterose em relação ao pai de híbridos obtidos entre genitores resistentes e suscetíveis à requeima (*Phytophthora infestans*) do tomateiro. As combinações Feb-2 x Pusa Sheetal e Feb-2 x Pusa Gaurav destacaram-se pela moderada resistência ao patógeno com intensidades de 32,51% e 36,29%, respectivamente, além do melhor desempenho quanto à produtividade.

Nas combinações híbridas em que os genitores envolvidos apresentaram maior distanciamento genético ou menor grau de parentesco, constatou-se que os efeitos heteróticos foram mais pronunciados. Resultados semelhantes foram obtidos por MALUF (1983) e MELO (1987).

4.3. Desempenho Agronômico dos Híbridos Experimentais

Os valores e respectivas significâncias dos quadrados médios (QM), coeficiente de variação (CV) e graus de liberdade (GL) da análise de variância para os sete caracteres avaliados encontram-se na tabela 12.

Os baixos coeficientes de variação, que ficaram entre 3,25 e 17,24% demonstram a boa precisão experimental e que os sete caracteres foram pouco afetados por variações ambientais não controláveis.

Os quadrados médios dos tratamentos foram significativos pelo teste F ($P < 0,01$) para os sete caracteres avaliados, exceto para número de pencas por planta ($P < 0,05$). De modo geral, os quadrados médios significativos são evidências de que houve variação genética entre os tratamentos, possibilitando a obtenção de estimativas satisfatórias dos parâmetros genéticos. SOUZA (2007), avaliando um cruzamento dialélico entre genótipos de tomate de mesa, também encontrou variação genética entre os tratamentos.

Tabela 12 - Quadrados médios da análise de variância de sete caracteres agronômicos¹ de fruto e planta de híbridos de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008.

Fonte de Variação	GL	Quadrado Médio						
		PF ¹ (kg pl ⁻¹)	NF (frut pl ⁻¹)	CF (cm)	LF (cm)	NP (penc pl ⁻¹)	AP (m)	DP (cm)
Bloco	3	0,47 ^{ns}	93,05**	6,03**	13,21**	0,30 ^{ns}	258,05**	44,90**
Tratamento	35	3,03**	117,66**	34,53**	62,04**	1,52*	2874,00**	60,53**
Resíduo	104	0,62	26,79	3,51	6,47	0,35	332,04	13,16
Média		4,58	35,20	5,75	6,88	7,10	2,07	39,97
CV (%)		17,24	14,70	3,25	3,69	8,37	8,80	9,08

¹ PF = produção de frutos por plantas; NF = número de frutos por planta; CF = comprimento do fruto; LF = largura do fruto; NP = número de pencas por planta; AP = altura de planta; DP = distância entre a primeira penca e o solo.

* Significativo pelo teste F ($P < 0,05$); ** Significativo pelo teste F ($P < 0,01$).

Os resultados das avaliações dos sete caracteres para os 36 híbridos experimentais são apresentadas nas tabelas 13 e 14, cujas médias foram agrupadas de acordo com sua significância estatística pelo teste de Scott-Knott, adotado por motivo do elevado número de tratamentos. O teste de Scott-Knott trata-se de um teste aglomerativo que visa à separação de médias de tratamentos em grupos distintos, através da minimização da variação dentro e maximização da variação entre grupos.

Devido à falta de sementes remanescentes, os híbridos HE-5 e HE-15, que se mostraram os mais resistentes ao ToYVSV não fizeram parte dessa avaliação agrônômica em campo. A Figura 6 mostra a avaliação dos híbridos F₁ em campo.

Segundo NIZIO (2008), além das resistências às principais pragas e doenças, é necessário que as cultivares de tomateiros a serem lançadas no mercado tenham características agrônômicas desejáveis e que sejam melhores ou semelhantes as principais cultivares disponíveis no mercado.

Em relação à produção de frutos por planta (PF), houve variação de 2,70 a 6,96 kg planta⁻¹, com diferenças significativas entre os híbridos, separando-os em três grupos distintos. Entre os mais produtivos, as médias variaram de 5,45 a 6,96 kg planta⁻¹, destacando-se os híbridos HE-38 e HE-14, com médias de 6,96 e 5,88 kg planta⁻¹, respectivamente, e que não diferiram do híbrido HE-37 (5,68 kg planta⁻¹) e das testemunhas comerciais Aplauso, Nun4045 e Tyler, com 5,82, 5,68 e 5,45 kg planta⁻¹, nessa ordem (Tabela 13).

O aumento da produção na cultura do tomate foi anteriormente relatado por diversos autores, embora com magnitudes diferentes (MELO, 1987, AHMED et al., 1988; PATIL & BOJAPPA, 1988; SOUZA, 2007).

A testemunha Dominador e o híbrido experimental HE-11, que se mostraram com bom nível de resistência ao ToYVSV (Tabela 6), classificaram-se no grupo dos genótipos menos produtivos, evidenciando a necessidade de melhoria desse importante componente da produção, resultado oposto foi observado para os híbridos experimentais HE-38 e HE-14 com menores valores na expressão da resistência ao ToYVSV e elevados valores para produção de frutos por planta (Tabela 13).

Tabela 13 - Médias de produção de frutos por planta (PF), número de frutos por planta (NF), comprimento do fruto (CF) e largura do fruto (LF), de híbridos experimentais de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008.

Híbrido	PF (kg/pl.)	Híbrido	NF (fr./pl.)	Híbrido	CF (cm)	Híbrido	LF (cm)
HE-38	6,96 a ¹	HE-38	46,68 a	HE-16	6,64 a	HE-37	7,49 a
HE-14	5,88 a	HE-27	46,47 a	HE-36	6,20 b	Tyler ²	7,41 a
Aplauso ³	5,82 a	Nun4045 ²	43,85 a	HE-32	6,15 b	Giovana ³	7,39 a
Nun4045 ²	5,68 a	HE-9	43,75 a	HE-38	6,10 b	Ellen ²	7,35 a
HE-37	5,68 a	Aplauso ³	43,60 a	Torino ³	6,11 b	HE-17	7,34 a
Tyler ²	5,45 a	HE-14	40,75 a	HE-17	6,07 b	HE-33	7,25 a
HE-27	5,21 b	Alambra ³	40,48 a	HE-4	6,03 b	HE-16	7,21 a
Ellen ²	5,10 b	HE-12	40,40 a	Ty Fanny ²	5,98 b	Alambra ³	7,17 a
HE-34	5,08 b	HE-10	40,02 a	HE-1	5,93 c	Dominador ²	7,17 a
HE-36	5,02 b	HE-34	39,21 a	HE-37	5,93 c	Carmen ³	7,15 a
HE-35	5,00 b	Nun4044 ²	38,51 a	Dominador ²	5,88 c	HE-38	7,12 b
Torino ³	4,99 b	Tyler ²	37,32 a	Alambra ³	5,87 c	Aplauso ³	7,06 b
HE-32	4,96 b	HE-24	36,77 a	HE-2	5,87 c	HE-35	7,06 b
Alambra ³	4,89 b	HE-36	36,09 b	HE-35	5,85 c	Ty Fanny ²	7,05 b
HE-12	4,88 b	Torino ³	35,33 b	Giovana ³	5,82 c	Nun4044	7,04 b
HE-9	4,72 b	HE-6	34,57 b	Tyler ²	5,81 c	HE-14	7,03 b
Giovana ³	4,67 b	HE-35	33,87 b	Ellen ²	5,79 c	Nun4045 ²	7,02 b
Ty Fanny ²	4,64 b	HE-25	33,35 b	HE-9	5,76 c	HE-32	7,01 b
Nun4044 ²	4,62 b	Carmen ³	33,20 b	HE-14	5,69 d	HE-36	6,98 b
HE-16	4,61 b	Giovana ³	32,91 b	HE-33	5,66 d	HE-25	6,94 b
HE-33	4,60 b	HE-32	32,80 b	HE-12	5,62 d	HE-4	6,93 b
HE-10	4,44 c	HE-23	32,72 b	HE-27	5,62 d	HE-12	6,90 b
HE-4	4,31 c	Ty Fanny ²	32,71 b	HE-34	5,59 d	HE-27	6,85 b
Carmen ³	4,31 c	Ellen	32,68 b	Nun4045 ²	5,55 d	Torino ³	6,83 b
Dominador ²	4,10 c	HE-20	32,05 b	HE-25	5,53 d	HE-1	6,69 c
HE-24	4,07 c	HE-37	32,04 b	Carmen ³	5,52 d	HE-9	6,65 c
HE-17	3,97 c	HE-26	32,03 b	HE-24	5,52 d	HE-2	6,54 c
HE-25	3,92 c	HE-1	31,97 b	Aplauso ³	5,51 d	HE-34	6,53 c
HE-1	3,90 c	HE-16	31,72 b	HE-23	5,51 d	HE-24	6,50 c
HE-11	3,64 c	HE-11	31,63 b	HE-10	5,50 d	HE-10	6,46 c
HE-20	3,55 c	Dominador ²	29,66 b	HE-20	5,47 d	HE-11	6,40 c
HE-26	3,48 c	HE-33	29,55 b	HE-21	5,44 d	HE-26	6,32 d
HE-23	3,45 c	HE-4	29,25 b	HE-6	5,37 d	HE-21	6,28 d
HE-2	3,41 c	HE-2	27,30 b	HE-11	5,36 d	HE-20	6,21 d
HE-6	3,23 c	HE-17	26,75 b	HE-26	5,35 d	HE-23	6,14 d
HE-21	2,69 c	HE-21	26,27 b	Nun4044 ²	5,34 d	HE-6	6,00 d

¹ Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si e pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o teste de Scott-Knott a 5%.

² Testemunhas resistentes; ³ Testemunhas suscetíveis.



Figura 6 - Avaliação dos híbridos experimentais em condição de campo. Paulínia, SP, 2008.

Na avaliação do número de frutos por planta (NF), observou-se variação de 26,27 a 46,68 frutos por planta, que separou os híbridos F_1 em apenas dois grupos distintos de médias. Destacaram-se os híbridos experimentais HE-38 e HE-27 com os maiores valores médios mensurados, 46,68 e 46,47 frutos por planta, respectivamente, mas que não se diferenciaram de outros híbridos F_1 e demais testemunhas (Tabela 13). No grupo de híbridos utilizados como testemunhas, destacou-se Nun4045, padrão de resistência ao ToYVSV, com 43,85 frutos/planta.

Para o caráter comprimento de fruto (CF), houve variação de 5,34 a 6,64 cm entre os genótipos, agrupando-os em quatro blocos de médias. O híbrido experimental HE-16 diferenciou-se dos demais genótipos, produzindo os frutos mais longos (6,64 cm). No segundo grupo, classificaram-se quatro híbridos com CF entre 6,03 e 6,20 cm (Tabela 13).

Para o caráter largura de fruto (LF), foi observada variação de 6,00 a 7,49 cm e as médias foram divididas em quatro agrupamentos. O híbrido experimental HE-37, com 7,49 cm, foi o que apresentou o maior diâmetro de fruto, porém sem se diferenciar estatisticamente dos híbridos experimentais HE-17, HE-33 e HE-16, com medidas de 7,34, 7,25 e 7,21 cm, respectivamente e nem das testemunhas Tyler, Giovana, Ellen, Alambra, Dominador e Carmen, com 7,41, 7,39, 7,35, 7,17, 7,17 e 7,15 cm, respectivamente (Tabela 13). Na opinião de FLORI (1993), frutos de tomate do grupo

salada com diâmetro maior do que 7,5 cm são os preferidos pelo produtor porque significam maior rentabilidade. Nesse trabalho, esse valor só foi obtido pelo híbrido experimental HE-37. No entanto, os demais híbridos experimentais do mesmo grupo de médias não têm sua importância diminuída pois tem-se observado uma tendência no mercado brasileiro de também valorizar frutos pequenos desde que tenham qualidade gustativa, a exemplo do que ocorre na Europa e Estados Unidos.

De acordo com BRASIL (2002), as cultivares de tomate de mesa são classificadas de acordo com o formato do fruto, em dois grupos: oblongo, quando o diâmetro longitudinal é maior do que o transversal, e redondo, quando o diâmetro longitudinal é menor ou igual ao transversal. Analisando-se os valores médios de CF e LF, verifica-se uma pequena amplitude de variação, 1,31 e 1,48 cm, respectivamente. Esses resultados devem-se ao fato de os genitores utilizados fazerem parte do mesmo tipo varietal, ou seja, tomate do grupo salada.

Para o caráter altura de planta (AP), houve grande variação entre os híbridos F_1 , cujas médias variaram de 1,28 a 2,41 m e foram divididas estatisticamente em três grupos. Híbridos com altura de planta entre 2,02 e 2,41 m não diferiram entre si e os híbridos experimentais HE-4 e HE-1 produziram as plantas mais baixas, com 1,28 e 1,35 m, respectivamente (Tabela 14). Por facilitar o manejo das plantas, cultivares de hábito indeterminado com porte baixo são desejadas, desde que mantenham a produtividade das cultivares de porte alto.

Na avaliação do número de pencas por planta (NP) e da distância entre a primeira penca e o solo (DP) observou-se que a variação das médias foi pequena, resultando em somente dois agrupamentos em cada característica. Isso foi devido à boa performance de produtividade dos híbridos experimentais avaliados. Para NP, os híbridos produziram entre 5,5 e 8 pencas por planta. Destacou-se o híbrido experimental HE-27, com média de 8,07 pencas por planta, mas que não se diferenciou estatisticamente da maior parte dos tratamentos, exceto dos sete híbridos do segundo agrupamento, cuja menor média foi 5,57 pencas por planta (Tabela 14).

Em relação à DP, houve variação de 33,82 a 49,75 cm. O híbrido HE-20 destacou-se com apenas 33,82 cm de distância da primeira penca ao nível do solo. No entanto, a exemplo do que houve com NP, não se diferenciou da maior parte dos genitores, com exceção dos onze genótipos que formaram o grupo de maior DP, cuja maior média foi 49,75 cm (Tabela 14).

Tabela 14 - Médias de número de pencas por planta (NP), altura de planta (AP) e distância entre a primeira penca e o solo (DP) de híbridos experimentais de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008.

Híbrido	NP (pencas/pl.)	Híbrido	AP (m)	Híbrido	DP (cm)
HE-27	8,07 a ¹	HE-10	2,41 a	Ty Fanny ²	49,75 a
Dominador ²	7,95 a	HE-24	2,38 a	HE-17	47,17 a
Tyler ²	7,90 a	Nun4045 ²	2,37 a	Tyler ²	46,38 a
HE-25	7,57 a	HE-27	2,33 a	HE-12	46,00 a
HE-14	7,55 a	HE-38	2,31 a	Aplauso ³	45,04 a
HE-10	7,55 a	Nun4044 ²	2,30 a	HE-10	43,82 a
Nun4045 ²	7,55 a	Aplauso ³	2,30 a	Alambra ³	43,70 a
Carmen ³	7,55 a	HE-14	2,28 a	HE-2	43,26 a
HE-24	7,52 a	HE-26	2,26 a	HE-25	42,92 a
Nun4044 ²	7,52 a	Torino ³	2,25 a	HE-24	41,99 a
HE-9	7,50 a	Dominador ²	2,25 a	HE-33	41,87 a
HE-36	7,47 a	HE-12	2,25 a	HE-11	41,01 b
HE-37	7,45 a	HE-36	2,24 a	HE-26	40,78 b
Aplauso ³	7,40 a	Tyler ²	2,23 a	Nun4044 ²	40,55 b
Ellen ²	7,27 a	HE-35	2,21 a	Torino ³	40,51 b
HE-32	7,25 a	HE-32	2,19 a	Dominador ²	40,39 b
HE-38	7,22 a	HE-37	2,18 a	Carmen ³	39,88 b
Alambra ³	7,22 a	HE-25	2,15 a	Nun4045 ²	39,75 b
HE-23	7,20 a	Ty Fanny ²	2,11 a	HE-27	39,68 b
HE-35	7,17 a	HE-33	2,08 a	HE-36	38,43 b
HE-20	7,17 a	Ellen ²	2,05 a	HE-16	38,43 b
Ty Fanny ²	7,17 a	HE-11	2,04 a	HE-14	38,38 b
HE-26	7,12 a	Carmen ³	2,02 a	HE-35	38,32 b
Giovana ³	7,12 a	Alambra ³	1,97 b	HE-37	38,22 b
Torino ³	7,12 a	HE-9	1,96 b	Giovana ³	37,87 b
HE-33	7,05 a	HE-2	1,95 b	HE-9	37,76 b
HE-16	7,05 a	HE-16	1,95 b	Ellen ²	37,22 b
HE-6	6,92 a	Giovana ³	1,95 b	HE-4	36,77 b
HE-12	6,85 a	HE-20	1,92 b	HE-32	36,60 b
HE-2	6,47 b	HE-34	1,85 b	HE-38	36,50 b
HE-34	6,35 b	HE-6	1,76 b	HE-23	35,85 b
HE-17	6,25 b	HE-23	1,75 b	HE-1	35,48 b
HE-11	6,12 b	HE-21	1,74 b	HE-34	35,26 b
HE-4	5,82 b	HE-17	1,74 b	HE-21	34,53 b
HE-21	5,57 b	HE-1	1,35 c	HE-6	34,44 b
HE-1	5,57 b	HE-4	1,28 c	HE-20	33,82 b

¹ Médias seguidas da mesma letra na coluna não diferem entre si e pertencem a um mesmo grupo, de acordo com o teste de Scott-Knott a 5%.

² Testemunhas resistentes; ³ Testemunhas suscetíveis.

Com base no agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott, os resultados do desempenho agrônômico dos híbridos experimentais F₁ para as sete características avaliadas mostraram grande variabilidade entre os genótipos para CF e LF, com quatro grupos de médias. Em seguida, os híbridos ainda mostraram boa variabilidade para PF e

AP, com três agrupamentos cada. Finalmente, para as características NF, NP e DP, os híbridos mostraram-se menos divergentes, com apenas dois grupos de médias.

Na tabela 15 são apresentados os valores médios de heterose-padrão obtidos para 25 híbridos experimentais F₁, em relação à média do híbrido F₁ Aplauso, empregado como híbrido comercial padrão para produção de frutos.

Tabela 15 - Médias de produção de frutos por planta (PF) e heterose-padrão (H_{hp}) em híbridos experimentais (HE) de tomate de mesa do grupo salada. Paulínia, SP, 2008.

Híbrido	PF (kg planta ⁻¹)	H _{hp} (%)	Híbrido	PF (kg planta ⁻¹)	H _{hp} (%)
HE-1	3,90	-32,99	HE-23	3,45	-40,72
HE-2	3,41	-41,41	HE-24	4,07	-30,07
HE-4	4,31	-25,95	HE-25	3,92	-32,65
HE-6	3,23	-44,50	HE-26	3,48	-40,21
HE-9	4,72	-18,90	HE-27	5,21	-10,48
HE-10	4,44	-23,71	HE-32	4,96	-14,78
HE-11	3,64	-37,46	HE-33	4,60	-20,96
HE-12	4,88	-16,15	HE-34	5,08	-12,71
HE-14	5,88	1,03	HE-35	5,00	-14,09
HE-16	4,61	-20,79	HE-36	5,02	-13,75
HE-17	3,97	-31,79	HE-37	5,68	-2,41
HE-20	3,55	-39,00	HE-38	6,96	19,59
HE-21	2,69	-53,78			
Aplauso (HP)	5,82	100,00	Aplauso (HP)	5,82	100,00

De acordo com MAYO (1980), as manifestações heteróticas exibidas por alguns dos cruzamentos podem ser devidas à complementação entre os locos relacionados com o caráter produção de frutos por planta. A ação gênica envolvida pode ser explicada em termos de que às contribuições individuais (aditivas) favoráveis de cada genótipo agrega-se um suplemento de dominância, de sobredominância (ação intra-alélica) ou de epistasia (ação inter-alélica), como consequência da união de genótipos contrastantes.

Destacaram-se, como os mais produtivos que o híbrido F₁ padrão Aplauso, apenas dois híbridos experimentais, HE-38 e HE-14, com valores heteróticos médios de 19,59 e 1,03%, respectivamente (Tabela 15).

O aumento da produção na cultura do tomate como resultado de efeito heterótico foi anteriormente relatado por diversos autores, embora com magnitudes diferentes (MELO, 1987; AHMED et al., 1988; PATIL et al., 1988; BRAZ, 1992).

SOUZA (2007) obteve resultado semelhante à deste trabalho em relação ao híbrido comercial Débora Max que produziu em média 3,93 kg planta⁻¹, dois híbridos apresentaram desempenhos semelhantes em relação ao híbrido comercial 1x2 (0,76%) e 1x4 (0,51%). Para as demais combinações, a heterose foi negativa e variou de -51,91% a 0,76%.

Para a produção de frutos por planta, verificou-se que, exceto para os híbridos experimentais HE-38 e HE-14, os demais apresentaram heterose padrão negativa, mostrando o alta produtividade do híbrido F₁ Aplauso (padrão comercial) e o potencial de ambos os híbridos experimentais.

Efeitos de heterose para esse caráter foram previamente relatados por outros autores, e, nesses casos, os valores mais pronunciados foram obtidos a partir de combinações híbridas oriundas de genitores com grande divergência genética (MALUF et al., 1983).

O híbrido comercial Aplauso pertencente a empresa Nunhems, faz parte do grupo de testemunhas suscetíveis ao geminivírus - ToYVSV, não possuindo genes que conferem resistência ao isolado em estudo, contudo, mostra uma grande capacidade na produção de frutos, resultado observado em diversas áreas de plantio comercial de tomate de mesa em regiões produtoras com baixa pressão de geminivirose.

A correlação entre divergência genética e a heterose nos híbridos também foi estimada por MALUF et al. (1983) em 0,72% e 0,89% de heterose para produção, com trabalhos em tomate manifestado nos híbridos F₁.

Segundo MELO (1987) nas combinações híbridas em que os parentais envolvidos apresentaram maior distanciamento genético ou menor grau de parentesco, constatou-se que os efeitos heteróticos foram mais pronunciados.

Os resultados obtidos para os valores de heterose para produção de frutos superaram em magnitude o relatado por vários autores (MALUF et al., 1983) para o grupo Santa Cruz. Produtividade total e comercial até 100% superiores à da cultivar padrão 'Santa Clara' foram encontradas e, na maioria dos casos, foram pelo menos 40% superiores. Em outro estudo, MALUF et al. (1983), encontraram valores de heterose em relação à cultivar testemunha (H_{CT}) foram negativos e variaram de -30,09% a -4,62% para produção total de frutos, e de -29,97% a -0,65%, para produção de frutos comercializáveis, o que indica uma superioridade, porém não significativa, da cultivar testemunha Flora-Dade, em relação aos demais híbridos F₁.

A ausência de heterose na maioria dos cruzamentos, para o caráter peso médio de fruto, pode estar diretamente relacionada com o modo de herança para tamanho de fruto e segundo MALUF (1982) há ausência de dominância ou, de dominância incompleta em pequeno grau para peso médio de frutos.

5 CONCLUSÕES

Para as condições em que o trabalho foi realizado, conclui-se que:

- a. Os híbridos experimentais HE-5 e HE-15, obtidos entre linhagens resistentes, destacam-se pela resistência ao ToYVSV e heterose positiva em relação ao híbrido padrão.
- b. A presença de efeitos aditivos e não aditivos indicam divergência entre as linhagens para a expressão da resistência ao ToYVSV.
- c. Existe maior capacidade geral de combinação (CGC) nos genitores 07-4043-2, 06-4567-1 e 06-4572-2 para o caráter resistência ao ToYVSV.
- d. Os híbridos HE-31, HE-17, HE-30 e HE-37 apresentam a melhor capacidade específica de combinação (CEC).
- e. Os híbridos HE-17 e HE-37, obtidos entre linhagens resistentes e suscetíveis são os mais promissores para resistência ao ToYVSV, por seu alto valor de CEC e alta CGC do genitor 07-4158.
- f. Os híbridos experimentais mostram grande variabilidade para os componentes da produção.

6 REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

AGRIANUAL - Anuário da Agricultura Brasileira. Pimentão. São Paulo: **FNP. Consultoria & Comércio**, p.435-437, 2008.

AGRISTAR: Produtos. <http://www.agristar.com.br/premium/doencas.htm>. (9 fevereiro 2009).

AHMED, S.U.; SAHA, H.K.; SHARFUDDIN, A.F.M. Study of heterosis and correlation in tomato. **Thai J. Agri. Sci.**, Ban Kok, v.21, p.117-123, 1988.

AMARAL JÚNIOR, A.T.; CASALI, V.W.D.; SCAPIM, C.A.; SILVA, D.J.H.; CRUZ, C.D. Análise dialéctica da capacidade combinatória de cultivares de tomateiro. **Bragantia**, Campinas, v.55, n.1, p.67-73, 1996.

AMBROZEVICIUS, L.P.; CALEGARIO, R.F.; FONTES, E.P.B.; CARVALHO, M.G.; ZERBINI, F.M. Genetic diversity of *Begomovirus* infecting tomato and associated weeds in Southeastern Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, Fortaleza, v.27, n.4, p.372-377, 2002.

ARUNACHALAM, V.; BANDYOPADHYAY, A.; NIGAM, S.N.; GIBBONS, R.W. Heterosis in relation to genetic divergence and specific combining ability in groundnut (*Arachis hypogaea* L.). **Euphytica**, v. 33, p. 33-39, 1984.

BASTOS, I.T.; BARBOSA, M.H.P.; CRUZ, C.D.; BURNQUIST, W. L.; BRESSIANI, J.A.; SILVA, F.L. Análise dialéctica em clones de cana-de-açúcar. **Bragantia**, Campinas, v.62, n.2, p.199-206, 2003.

BELOWS JR. T.S.; PERRING, T.M.; GILL, R.J. Description of a species of *Bemisia tabaci*. **Annals of the Entomological Society of America**, v.87, p.195-206, 1994.

BOITEUX, L.S.; OLIVEIRA, V.R.; SILVA, C.H.; MAKISHIMA, N.; INOUEENAGATA, A.K.; FONSECA, M.E.N.; GIORDANO, L.B. Reaction of tomato hybrids carrying the Ty-1 locus to Brazilian bipartite *Begomovirus* species. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.25, p.20-23, 2007.

BRASIL. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Portaria SARC nº 085 de 06 de março de 2002. Propõe o Regulamento técnico de identidade e qualidade para classificação do tomate. Diário Oficial da República Federativa do Brasil, Brasília, mar., 2002.

BRAZ, L.T. Avaliação de caracteres agronômicos e quantitativos de três cultivares de pimentão (*Capsicum annuum* L.) e da heterose em seus híbridos F₁. Viçosa: UFV, 75p. (Dissertação - Mestrado em Fitotecnia), 1982.

BRICKELL, C.D.; BAUM, B.R.; HETTERSCHIED, W.L.A.; LESLIE, A.C., MCNEILL, J.; TREHANE, P.; VRUGTMAN, F.; WIERSEMA, J.H. International code of nomenclature of cultivated plants. **Acta Horticulturae**, v.647, p.1-123, 2004. <http://www.bgbm.fu-berlin.de/iapt/nomenclature/code/SaintLouis/0001ICSLContents.htm>. (22 dezembro 2008).

BROWN, J.K., FROHLICH, D.R.; ROSELL, R.C. The sweetpotato or silverleaf whiteflies: biotypes of *Bemisia tabaci* or a species complex? **Annual Review of Entomology**, v.40, p.511-534, 1995.

BRUCE, A.B. The Mendelian theory of heredity and the augmentation of vigor. **Science**, v.32, p.627-628, 1910.

BUTLER, G.D.; HENNEBERRY, T. *Bemisia tabaci* (Genn.), a pest of cotton in the Southwestern USA. Washington: USDA. **USDA Technical Bulletin**, p.1707, 1985.

CAMARGO, G.A.; QUEIROZ, M.R. de Secagem de tomates, variedade Rio Grande: Estudo de parâmetros com base na qualidade final. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE CIÊNCIAS E TECNOLOGIA DE ALIMENTOS 17. **Resumos ...** Fortaleza: Sociedade Brasileira de Ciência e Tecnologia de Alimentos, v.2, p.6-123, 2000.

CARNEIRO, M.S.; VIEIRA, M.L.C. Mapas genéticos em plantas. **Bragantia**, v.61, n.2, p. 89-100, 2002.

COHEN, S.; HARPAZ, I. Periodic, rather than continual acquisition of a new Tomato virus by its vector, the tobacco whitefly (*Bemisia tabaci*, *Gennadius*). **Entomologia Experimentales et Applicata**, v.7, p.155-166, 1964.

COLARICCIO, A.; SOUZA-DIAS, J.A.C.; CHAGAS, C.M.; SAWAZAKI, H.E.; CHAVES, A.L.R.; EIRAS, M. Novo surto de geminivírus em *Lycopersicon esculentum* na região de Campinas, SP. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.27, n.1, p.105, 2001.

COLARICCIO, A.; EIRAS, M.; CHAVES, A.L.R.; BERGMAN, J.C.; ZERBINI, F.M.; HARAKAVA, R.; CHAGAS, C.M. *Tomato yellow vein streak virus*, a new *Begomovirus* on tomato from Brazil: complete DNA A sequence and some molecular and biological features. **Journal of Plant Pathology**, Oxford, v.89, n.3, p.385-390, 2007.

COSTA, A.S.; OLIVEIRA, A.R.; SILVA, D.M. Transmissão mecânica do agente causal do mosaico dourado do tomateiro. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.3, n.3, p.195-200, 1977.

CRUZ, C.D. **Programa Genes: Estatística experimental e matrizes**. Viçosa: UFV. 285p., 2006.

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

CRUZ, C.D.; VENCOVSKY, R. Comparação de alguns métodos de análise dialélica. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto v.12, n.2, p.425-438, 1989.

CURRENCE, T.M. Tomato breeding. I. Species, origin and botanical characters. **Handbuch der pflanzenzuchtung**, v.2, p.351-369, 1963.

DANGARIA, G.J.; DOBARIA, K.L.; FATTEH, U.G.; PATEL, V.J. Heterosis and combining ability analysis in castor. **Journal Oilseeds Research**, v.4, p.46-53, 1987.

DAUBÈZE, A.M.; HENNART, J.W.; PALLOIX, A. Resistance to *Leveillula taurica* in pepper (*Capsicum annuum*) is ligogenically controlled and stable in Mediterranean regions. CD-ROM. **Plant Breeding**, v.114, n.4, p.327-332, 1995.

DAVENPORT, C.G. Degeneration, albinism and inbreeding. **Science**, v.28, p.454-455, 1908.

DELLA VECCHIA, M.G.S.; ROSA, D.D.; BERGAMIN FILHO, A.; AMORIM, L.; REZENDE, J.A.M.; RIBEIRO, A. Dinâmica temporal e espacial da begomovirose causada por *Tomato yellow vein streak virus* em tomateiro na região de Campinas-SP. **Summa Phytopathologica**, v.33, n.4, p.387-395, 2007.

DE RUITER SEEDS: Produtos. <http://www.es.deruiterseeds.com/products.htm>. (9 fevereiro 2009).

DIAS, L.A.S.; KAGEYAMA, P.Y. Multivariate genetic divergence and hybrid performance of cacao (*Theobroma cacao* L.). **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.20, n.1, p.63-70, 1997.

DOD, V.N.; KALE, P.B.; WANKHADE, R.V. Combining ability study in tomato. Haryana, **Journal Horticultural Science**, Haryanav, v.21, p.296-302, 1992.

EAST, E.M. Inbreeding in corn. **Connecticut Agricultural Experimental Station Report**, v.1907, p.419-428, 1908.

EDWARDS, K.; JOHNSTONE, C.; THOMPSON, C. A simple and rapid method for the preparation of plant genomic DNA for PCR analysis. **Nucleic Acid Research**, v.19, n.6, p.1349, 1991.

EIRAS, M.; COLARICCIO, A.; CHAVES, A.L.R.; TAVARES, C.A.M.; HARAKAWA, R. Levantamento preliminar de geminivírus em tomateiros no Estado de São Paulo. **Summa Phytopathologica**, Botucatu, v.28, n.1, p.97, 2002.

FALCONER, D.S. **Introdução à genética quantitativa**. Viçosa, MG: UFV. Imp. Univ. 279 p., 1981.

FAO-FAOSTAT Database Results, <http://apps.fao.org>, (19/12/2008).

FARIA, J.C.; SOUZA-DIAS, J.A.C.; SLACK, S.A.; MAXWELL, D.P. A new geminivirus associated with tomato in the State of São Paulo, Brazil. **Plant Disease** v.81, p.423, 1997.

FARIA, J.C.; BEZERRA, I.C.; ZERBINI, F.M.; RIBEIRO, S.G.; LIMA, M.F. Situação atual das geminiviroses no Brasil. **Fitopatologia Brasileira**, v.25, p.125-137, 2000.

FARGETTE, D.; KONATE, G.; FAUQUET, C.; MULLER, E.; PETERSCHMITT, M.; THRESH, J.M. Molecular ecology and emergence of tropical plant viruses, **Annual Review of Phytopathology**, 44, p.235-260, 2006.

FAUQUET, C.M.; STANLEY, J. Geminivirus classification and nomenclature: progress and problems. **Annual Applied Biology**, v.142, p.65-189, 2003.

FAUQUET, C.M.; MAYO, M.A.; MANILOFF, J.; DESSELBERGER, U.; BALL, L.A. Virus Taxonomy: Eighth Report of the International Committee on Taxonomy of Viruses. London. Academic Press. 2005.

FERNANDES, J.J.; CARVALHO, M.G.; ANDRADE, E.C.; BROMMONSCHENKEL, S.H.; FONTES, E.P.B.; ZERBINI, F.M. Biological and molecular properties of *Tomato rugose mosaic virus* (ToRMV), a new tomato-infecting *Begomovirus* from Brazil, **Plant Pathology**, v.55, p.513-522, 2006.

FERRAZ, E., RESENDE, L.V.; LIMA, G.S.A.; SILVA, M.C.L.; FRANÇA, J.G.E.; SILVA, D.J. Redenção: nova cultivar de tomate para a indústria resistente a geminivírus e tospovírus. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.21, n.3, p.578-580, 2003.

FERREIRA, S.M.R.; FREITAS, R.J.S.; LAZZARI, E.N. Padrão de identidade e qualidade do tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) de mesa. **Ciência Rural**, Santa Maria, v.34, n.1, p.329-335, jan-fev, 2004.

FILGUEIRA, F.A.R. **Novo Manual de Olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças** – Viçosa, UFV, 2000.

FLORI, J.E. Obtenção e avaliação de híbridos F1 de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill) no grupo multilocular. 144f. Dissertação (Mestrado em Agronomia, área de concentração Fitotecnia) – Escola Superior de Agricultura de Lavras, 1993.

FLORI, J.E.; MALUF, W.R. Obtenção e avaliação de híbridos de tomate (*Lycopersicon esculentum* MILL.) do grupo multilocular. **Ciência e Prática**, v.18, n.4, p.395-398, 1994.

FREITAS-ASTUA, J.; PURCIFULL, D.E.; POLSTON, J.E.; HIEBERT, E. Traditional and transgenic strategies for controlling tomato-infecting begomoviruses. **Fitopatologia Brasileira**, v.27, p.437-449, 2002.

FRIEDMANN, M.; LAPIDOT, M.; COHEN, S.; PILOWSKY, M. A novel source of resistance to *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) exhibiting a symptomless reaction to viral infection. **Journal of American Society for Horticultural Science**, v.123, p.1004-1007, 1998.

FUZZATTO, S.R.; FERREIRA, F.D.; RAMALHO, M.A.P.; RIBEIRO, P.H.E. Divergência genética e sua relação com os cruzamentos dialélicos na cultura do milho. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.26, n.1, p.22-32, 2002.

GALLO, D.; NAKANO, O.; SILVEIRA NETO, S.; CARVALHO, R.P.L.; BATISTA, G.G.; BERTI FILHO, E.; PARRA, J.R.P.; ZUCCHI, R.A.; ALVES, S.B.; VENDRAMIM, J.D. **Manual de entomologia agrícola**. São Paulo: Ceres, p.649, 1988.

GARDNER, C.O.; EBERHART, S.A. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related population. **Biometrics**, Washington, v.2, n.3, p.439-452, Sept., 1966.

GARCÍA-ANDRÉS, S.; ACCOTTO, G.P.; NAVAS-CASTILLO J.; MORIONES, E. Founder effect, plant host, and recombination shape the emergent population of begomoviruses that cause the *Tomato yellow leaf curl* disease in the Mediterranean basin. **Virology**, v.359, p.302-312, 2007.

GERALDI, I.O.; MIRANDA-FILHO, J.B. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, p.419-430, 1988.

GHADERI, A.; ADAMS, M.W.; NASSIB, A.M. Relationship between genetic distance and heterosis for yield and morphological traits in dry edible bean and faba bean. **Crop Science**, v.24, p.37-42, 1984.

GIORDANO, L.B.; BOITEUX, L.S.; HORINO, H. Avaliações em condições de campo de genótipos de tomate para a resistência a tospovirose. **Horticultura Brasileira**, v.13, p.28-31, 1994.

GIORDANO, L.B.; BEZERRA, I.C.; FERREIRA, P.T.O.; BORGES NETO, C.R. Breeding tomatoes for resistance to whitefly transmitted geminivirus with bipartite genome in Brazil. In: WORLDWIDE CONGRESS ON THE PROCESSING

TOMATO, 3. Pamplona, Espanha. [**Proceedings...**], ISHS/AMITON/AGRUCON, p.116, 1998.

GOMES, M.S.; PINHO, E.V.R.; PINHO, R.G.V.; VIEIRA, M.G.G.C. Estimativas da capacidade de combinação de linhagens de milho tropical para qualidade fisiológica de sementes. **Ciência e Agrotecnologia**, Lavras, v.24, p.41-49, 2000.

GOMEZ, O.; PINON, M.; MARTINEZ, Y.; QUINONES, M.; FONSECA, D.; LATERROT, H. Breeding for resistance to *Begomovirus* in tropic-adapted tomato genotypes. **Plant Breeding**, v.123, p.275-279, 2004.

GRIFFING, B. A generalized treatment of the use of diallel crosses in quantitative inheritance. **Heredity**, Oxford, p.31-50, 1956a.

GRIFFING, B. Concept of general and specific ability in relation to diallel crossing systems. **Australian Journal of Biological Sciences**, Australia, v.9, n.4, p.462-93, 1956b.

GUNASEKERA, D.M.; PERERA, A.L.T. Production and genetic evaluation of tomato hybrids using the diallel genetic design. **Tropical Agricultural Research**, Siri Lanka, v.11, p.123-133, 1999.

HAJI, F.N.P.; LIMA, M.F.; ALENCAR, J.A. Histórico sobre mosca-branca no Brasil. In: Taller Latino Americano y del Caribe sobre Mosca-blanca y Geminivirus, 6, Santo Domingo. **Memória...**, p.5-8, 1997.

HANSON, P.M.; BERNACCHI, D.; GREEN, S.; TANKSLEY, S.D.; MUNIYAPPA, V. Mapping a wild tomato introgression associated with *Tomato yellow leaf curl virus* resistance in a cultivated tomato line. **Journal of American Society for Horticultural Science**, v.15, p.15-20, 2000.

HARRISON, B.D.; BAKER, H.; BOCK, K.R.; GUTHRIE, E.J.; MEREDITH, G.; ATKINSON, M. Plant viruses with circular single-stranded DNA. **Nature**, v.270, p.760-762, 1977.

HARRISON, B.D. Advances in geminivirus research. **Annual Review of Phytopathology**, v.23, p.55-82, 1985.

HARVEY, M.; QUILLEY, S.; BEYNON, H. Exploring the tomato: transformations of nature, society and economy. Cheltenham, UK: Edward Elgar, 2002. 324p.

HASSAN, A.A.H.M.; MAZAYD, S.E.; MOUTAFA, S.H.; NASSAR, M.K.; NAKHLA, W.L. Inheritance of resistance to *Tomato yellow leaf curl virus* derived from *Lycopersicon cheesmanii* and *Lycopersicon hirsutum*. **HortScience**, v.19, p.574-575, 1984.

HAYMAN, B.I. The analysis of variance of diallel tables. **Biometrics**, Washington, v.10, p.235-244, 1954a.

HAYMAN, B.I. The theory and analysis of diallel crosses. **Genetics**, Bethesda, v.39, n.6, p.789-809, 1954b.

HIEBERT, E.; ABOUZID, A.M.; POLSTON, J.E. Whitefly-transmitted geminiviruses. In: GERLING, S. & MAYER, R.T. (Eds.) **Bemisia** 1995: Taxonomy, biology, damage, control and management. Andover: Intercept Ltd, cap.26, p.277-288, 1996.

HILJE, L. Avances hacia el manejo sostenible del complejo *Bemisia tabaci*-geminivirus en tomate, en Costa Rica. **Manejo Integrado de Plagas**, v.61, p.70-81, 2001.

HUNTER, W.B.; HIEBERT, E.; WEBB, S.E.; TSAI, J.H.; POSTON, J.E.L. Location of geminiviruses in the whitefly *Bemisia tabaci* (Homoptera: Aleyrodidae). **Plant Disease**, v.82, p.1147-1151, 1998.

JI, Y.; SCOTT, J.W. Identification of RAPD markers linked to *Lycopersicon chilense* derived geminivirus resistance genes on chromosome 6 of tomato. **Acta Horticulturae**, v.695, p.407-416, 2005.

JINKS, J.L.; HAYMAN, B.I. The analysis of diallel crosses. **Maize Genetic Cooperative Newsletters**, Estados Unidos, v.27, p.48-54, 1953.

KALLOO, L.; BANERJEE, M.K. Transfer of *Tomato leaf curl virus* resistance from *Lycopersicon hirsutum* f. *glabratum* to *L. esculentum*. **Plant Breeding**, v.105, p.156-159, 1990.

KASRAWI, M.A.; SUWWAN, M.A.; MANSOUR, A. Sources of resistance to *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) in *Lycopersicon* species. **Euphytica**, v.37, p.61-64, 1988.

KHALIL, R.M.; MIDAN, A.A.; HATEM, A.K. Breeding studies of some characters in tomato, *Lycopersicon esculentum* Mill. **Acta Horticulturae**, v.220, p.77-84, 1988. http://www.actahort.org/books/220/220_10.htm (2 fevereiro 2009).

KROSS, R.K.; CAVALCANTI MARTA, M.E.R.M.; BRAGA, E.M. Influência da epiderme do tomate (*Lycopersicon esculentum* L.) na transferência de massa durante o tratamento osmótico. Simpósio Latino Americano de Ciência de Alimentos (SLACA), 4. Campinas, **Anais...** Campinas: UNICAMP, 2001.

KUMARESAN, D.; NADARAJAN, N. Combining ability and heterosis for powdery mildew resistance in sesame. **Sesame and Safflower Newsletter**, Córdoba, v.17, p.1-4, 2002.

- LAPIDOT, M.; FRIEDMANN, M.; PILOWSKY, M.; BEN-JOSEPH, R.; COHEN, S. Effect of host plant resistance to *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) on virus acquisition and transmission by its whitefly vector. **Phytopathology**, v.91, p.1209-1213, 2001.
- LAPIDOT, M.; FRIEDMANN, M. Breeding for resistance to whitefly-transmitted geminiviruses. **Annual Applied Biology**, v.140, p.109-127, 2002.
- LASTRA, R. Los geminivirus en grupo de fitovirus con características especiales en las moscas blancas (Homoptera: *Aleyrodidae*). En América central y el Caribe. **Catie**, serie técnica, n.205, p.66, 1993.
- LATERROT, H. Breeding network to create tomato varieties resistant to *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV). **Fruits**, v.50, p.439-444, 1995.
- LAZAROWITZ, S.G. *Geminivirus*: genome structure and gene function. **Critical Reviews in Plant Sciences**, v.4, p.327-349, 1992.
- LEFFEL, R.C.; WEISS, M.G. Analysis of diallel crosses among ten varieties of soybeans. **Agronomy Journal**, v.50, p.528-534, 1958.
- LI, H.; ROOSSINCK, M.J. Genetic bottlenecks reduce population variation in an experimental RNA virus population, **Journal of Virology**, v.78, p.10582-10587, 2004.
- LIMA, M.F. Levantamento de doenças na cultura do tomate no Submédio São Francisco: ano 1997. In: CONGRESSO BRASILEIRO DE OLERICULTURA, 38., 1998, Petrolina, PE. **Anais...** Petrolina: SOB, 1998.
- LOURENÇÃO, A.L.; NAGAI, H. Surtos populacionais de *Bemisia tabaci* no Estado de São Paulo. **Bragantia**, Campinas, v.53, n.1, p.53-59, 1994.
- LOURENÇÃO, A.L.; SIQUEIRA, W.J.; MELO, A.M.T.; MELO, P.C.T.; COLARICCIO, A.; FONTE, L.C.; CHAVES, A.L.R. Avaliação da resistência a tospovírus em cultivares e linhagens de tomateiro. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.27, n.1, p.17-23, 2001.
- LOURENÇÃO, A.L.; MELO, A.M.T.; SIQUEIRA, W.J.; COLARICCIO, A.; MELO, P.C.T. Avaliação da resistência de acessos de tomateiro a tospovírus e a geminivírus. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.22, n.2, p.193-196, abr/jun, 2007.
- MALECK, K.; LEVINE, A.; EULGEM, T.; MORGAN, A.; SCHMID, J.; LAWTON, K.A.; DANGL, J.L.; DIETRICH, R.A. The transcriptome of *Arabidopsis thaliana* during systemic acquired resistance. **Nature Genetics**, v.26, p.403-410, 2000.

MALUF, W.R.; FERREIRA, P.E.; MIRANDA, J.E.C. Genetic divergence in tomatoes and its relationship with heterosis for yield in F₁ hybrids. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.6, n.3, p.453-460, Sept. 1983.

MATOS, E.S.; SIQUEIRA, W.J.; LOURENÇÃO, A.L.; MELO, A.M.T.; SAWAZAKI, H.E.; SOUZA-DIAS, J.A.C.; COLARICCIO, A. Resistência de genótipos de tomateiro a um isolado de geminivírus do cinturão verde de Campinas, São Paulo. **Fitopatologia Brasileira**, v.28, p.159-165, 2003.

MAXWELL, D.P.; GARCIA, B.E.; MARTIN, C.T.; SALUS, M.S.; JENSEN, K.S.; MEJÍA, L. PCR-based methods for tagging begomovirus-resistance genes in tomatoes. www.plantpath.wisc.edu/GeminivirusResistantTomatoes/Markers, 2006.

MAYO, O. Heterosis. In: MAYO, O. **The theory of plant breeding**. Oxford, Clarendon Press, p.131-57, 1980.

MAZYAD, H.M.; KHALIL, E.M.; REZK, A.A.; ABDEL-HAKEN, M.S.; ABOUL-ATA, A.E. Genetic studies on tomato yellow leaf curl begomovirus (TYLCV) resistance in Egypt: six-populations analysis. **International Journal of Virology**, v.3, n.2, p.88-95, 2007.

McDONALD B.A.; LINDE, C. Pathogen population genetics, evolutionary potential, and durable resistance. **Annual Review of Phytopathology**, v.40, p.349-79, 2002.

MEJÍA, L.; TENI, R.E.; VIDAUSKI, F.; CZOSNEK, H.; LAPIDOT, M.; NAKHLA, K.; MAXWELL, D.P. Evaluation of tomato germplasm and selection of breeding lines for resistance to begomoviruses in Guatemala. **Acta Horticulturae**, v.695, p.251-256, 2005.

MELO, A.M.T. Análise genética de caracteres de fruto em híbridos de pimentão. Piracicaba, 112 p. (Doutorado – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”), 1997.

MELO, P.C.T. Heterose e capacidade combinatória em um cruzamento dialélico parcial entre seis cultivares de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.). Piracicaba, 107 p. (Doutorado – Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”), 1987.

MELO, P.C.T. Melhoramento genético do tomateiro. **Asgrow**, Campinas, 1989. 55p. (impresso).

MELO, P.C.T. Mosca-branca ameaça produção de hortaliças. Campinas: **Asgrow**, 2p. (ASGROW. Semente. Informe Técnico), 1992.

MICHELSON, I.; ZAMIR, D.; CZOSNEK, H. Accumulation and translocation of *Tomato yellow leaf curl virus* (TYLCV) in a *Lycopersicon esculentum* breeding line

containing the *L. chilense* TYLCV tolerance gene *Ty-1*. **Phytopathology**, v.84, p.928-933, 1994.

MIRANDA, J.E.C. Análise genética de um cruzamento dialélico em pimentão (*Capsicum annuum* L.). 159p. Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo. Piracicaba, 1987.

MIRANDA, J.E.C.; COSTA, C.P.; CRUZ, C.D. Análise dialélica em pimentão. I. Capacidade combinatória. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, n.2, p. 43-440, 1988a.

MIRANDA, J.E.C.; COSTA, C.P.; CRUZ, C.D. Predição do comportamento de híbridos de pimentão (*Capsicum annum* L.) pela divergência genética dos progenitores. **Revista Brasileira de Genética**, Ribeirão Preto, v.11, n.4, p.929-937, 1988b.

MONCI, F.; SÁNCHEZ-CAMPOS, S.; NAVAS-CASTILLO, J.; MORIONES, E. A natural recombinant between the geminiviruses *Tomato yellow leaf curl Sardinia virus* and *Tomato yellow leaf curl virus* exhibits a novel pathogenic phenotype and is becoming prevalent in Spanish populations, **Virology**, v.303, p.317-326, 2002.

MOREIRA, J.A.N.; SANTOS, J.W.; OLIVEIRA, S.R.M. Abordagens e metodologias para avaliação de germoplasma. Campina Grande: Embrapa-Algodão. 115p., 1994.

MORALES, F.J.; ANDERSON, P.K. The emergence and dissemination of whitefly-transmitted geminiviruses in Latin America. **Archives of Virology**, v.146, p.415-441, 2001.

NAVOT, N.; ZEIDAN, M.; PICHERSKY, E.; ZAMIR, D.; CZOSNEK, H. Use of the polymerase reaction to amplify *Tomato yellow leaf curl virus* DNA from infected plants and viruliferous whiteflies. **Phytopathology**, v.82, p.1199-1202, 1992.

NAVOT, N.; BER, R.; CZOENEK, H. Rapid detection of *Tomato yellow leaf curl virus* in squashes of plants and insect vectors. **Phytopathology**, v.79, p.562-568, 1989.

NIZIO, D.A.C. Capacidade combinatória de linhagens avançadas de tomateiro de mesa e seleção assistida por marcadores moleculares para resistência a begomovírus e tospovírus. 71p. Dissertação (Mestrado). Universidade Federal de Lavras (UFLA), 2008.

OSBORNE, L.S. The not so sweetpotato whitefly. Florida, USA. **Foliage**, v.14, p.8-15, 1988.

PADIDAM, M.; SAWYER, S.; FAUQUET, C.M. Possible emergence of new geminiviruses by frequent recombination, **Virology**, v.265, p.218-225, 1999.

PAINI, J.N.; CRUZ, C.D.; DELBONI, J.S.; SCAPIM, C.A. Capacidade combinatória e heterose em cruzamentos intervarietais de milho avaliados sob as condições climáticas da região sul do Brasil. **Revista Ceres**, Viçosa, v.43, n.247, p.288-300, 1996.

PATIL, A.A.; BOJAPPA, K.M. Studies on heterosis as influenced by genetic diversity and combining ability. **Journal Maharasta Agriculture University**, v.13, p.150-151, 1988.

PEARSON, O.H. Heterosis in vegetable crops. In: FRANKEL, R. (Ed.) Heterosis: reappraisal of theory and practice. Berlin: **Springer-Verlag**, cap.6, p.138-188, 1983.

PERALTA, I.E.; KNAPP, S.; SPOONER, D.M. New species of wild tomatoes (*Solanum* section *Lycopersicon*: Solanaceae) from northern Peru. **Systematic Botany**, v.30, n.2, p.424-434, 2005. <http://www.vcru.wisc.edu/spoonerlab/pdf/Tomato%20new%20species%20Peru.pdf> f. (15 dezembro 2008).

PERALTA, I.E.W.; SPOONER, D.M. Granule-bound starch synthetase (GBSSI) gene phylogeny of wild tomatoes (*Solanum* L. section *Lycopersicon* (Mill) Wettst. subsection *Lycopersicon*). **American Journal of Botany**, v.88, p.1888-1902, 2001.

PERALTA, I.E.; KNAPP, S.; SPOONER, D.M. Nomenclature for wild and cultivated tomatoes. **TGC Report**, v.56, p.6-12, 2006. <http://tgc.ifas.ufl.edu/vol56/html/vol56featr.htm> (22 dezembro 2008)

PICÓ, B.; DÍEZ, M.J.; NUEZ, F. Evaluation of whitefly-mediated inoculation techniques to screen *Lycopersicon esculentum* and wild relatives for resistance to *Tomato yellow leaf curl virus*. **Euphytica**, v.101, p.259-271, 1998.

PIETERSEN, G.; SMITH, M.F. *Tomato yellow leaf curl virus* resistant tomatoes show resistance to tomato curly stunt virus. **Plant Disease**, v.86, p.528-534, 2002.

PILOWSKY, M.; COHEN, S. Inheritance of resistance to *Tomato yellow leaf curl virus* in tomatoes. **Phytopathology**, v.64, p.632-635, 1974.

POLSTON, J.E.; ANDERSON, P.K. The emergence of whitefly-transmitted geminiviruses in tomato in the Western hemisphere. **Plant Disease**, Saint Paul, v.81, n.12, p.1358-1369, 1997.

POLSTON, J.E.; DODDS, J.A.; PERRING, T.M. Nucleic acid probes for detection and strain discrimination of cucurbit geminiviruses. **Phytopathology**, v.79, p.123-1127, 1989.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; PINTO, C.A.B.P. **Genética na agropecuária**. Universidade Federal de Lavras: UFLA, 472 p.: il., 2000.

RAMALHO, M.A.P.; SANTOS, J.B.; ZIMMERMANN, M.J.O. **Genética quantitativa em plantas autógamas: aplicação ao melhoramento do feijoeiro**. Goiânia: Editora da UFG. Cap.5, p.93-135, 1993.

RAO, E.S.; MUNSCHI, A.D.; SINGH, B.; KUMAR, R. Studies on heterosis and combining ability for yield and resistance to early blight in tomato. **Indian Journal of Horticulture**, Amsterdam, v.64, n.3, 2007.

RIBEIRO, S.G.; ÁVILA, A.C.; BEZERRA, I.C.; FERNANDES, J.J.; FARIA, J.C.; LIMA, M.F.; GILBERTSON, R.L.; MACIELZAMBOLIM, E.; ZERBINI, F.M. Widespread occurrence of tomato geminiviruses in Brazil, associated with the new biotype of the whitefly vector. **Plant Disease**, v.82, p.830, 1998.

RIBEIRO, S.G.; MELO, L.V.; BOITEUX, L.S.; KITAJIMA, E.W.; FARIA, J.C. Tomato infection by a geminivirus in the Federal District, Brazil. **Fitopatologia Brasileira**, v.19, p.330, 1994.

RICK, C.M. Tomato Paste: A concentrated review of genetic highlights from the beginnings to the advent of molecular genetic. **Genetics**, v.128, p.1-5, 1991.

ROJAS, A.; KVARNHEDEN, A.; MARCENARO, D.; VALKONEN, J.P.T. Sequence characterization of *Tomato leaf curl Sinaloa virus* and *Tomato severe leaf curl virus*: Phylogeny of New World *Begomovirus* and detection of recombination. **Archives of Virology**, p.1281-1299, 2005.

ROM, M.; ANTIGNUS, Y.; GIDONI, D.; PILOWSKY, M. Accumulation of *Tomato yellow leaf curl virus* DNA in tolerant and susceptible tomato lines. **Plant Disease**, v.77, p.253-257, 1993.

RYBICKI, E.P. A phylogenetic and evolutionary justification for three genera of *Geminiviridae*. **Archives of Virology**, v.139, p.9-77, 1994.

RYBICK, E.P.; HUGHES, F.L. Detection and typing of *maize streak virus* and other distantly related geminiviruses of grasses by polymerase chain reaction amplification of conserved viral sequence. **Journal of General Virology**, v.71, p.2519-2526, 1990.

SALGUERO, V. Perspectivas para el manejo del complejo mosca blanca-virosis. In: HILJE, L.; ARBOLEDA, O. Las moscas blancas (Homoptera: *Aleyrodidae*) en America Central e El Caribe. Turrialba: **CATIE**, p.20-26, (CATIE. Informe Técnico, 205), 1993.

SAKATA: Catálogo de produtos – hortaliças. <http://sakata.com.br/index.php?action=catalogo&local=br&cultura=4&language=pt>. (9 fevereiro 2009).

SANTANA, F.M.; RIBEIRO, S.G.; MOITA, A.W.; MOREIRA JÚNIOR, D.J.; GIORDANO, L.B. Sources of resistance in *Lycopersicon* spp. To a bipartite whitefly-transmitted geminivirus from Brazil. **Euphytica**, Amsterdam, v.122, p.45-51, 2001.

SANZ, A.I.; FRAILE, A.; GARCIA-ARENAL, F.; ZHOU, X.P.; ROBINSON, D.J.; KHALID, S.; BUTT, T.; HARRISON, B.D. Multiple infection, recombination and genome relationships among *Begomovirus* isolates found in cotton and other plants in Pakistan, **Journal of General Virology**, v.81, p.1839–1849, 2000.

SCOTT, A.J.; KNOTT, M.A. A cluster analysis method for grouping means in the analysis of variance. **Biometrics**, Washington, v.30, p.507-512, 1974.

SEMINIS: Produtos. <http://www.seminis.com.br/products/tomate/fanny.asp>. (9 fevereiro 2009).

SHANKARAPPA, K.S.; SRIHARSHA, K.T.R.; ASWATHANARAYANA, D.S.; PRAMEELA, H.A.; KULKARNI, R.S.; MUNIYAPPA, V.; MOHAN RAO, A.; MARUTHI, M.N. Development of tomato hybrids resistant to *Tomato leaf curl virus* disease in South India. **Euphytica**, Amsterdam, v.164, n.2, p.531-539, 2008.

SHULL, G.H. The composition of a field of maize. **American Breeding Association Report**, v.4, p.296-301, 1908.

SILVA, J.B.C.; GIORDANO, L.B. **Tomate para processamento industrial**. Brasília: Embrapa Comunicação para Transferência de Tecnologia - Embrapa Hortaliças, 168p., 2000.

SILVA, D.J.H.; COSTA, C.P.; CASALI, V.W.D.; DIAS, L.A.S. ; CRUZ, C.D. Análise da capacidade combinatória em berinjeleira. **Bragantia**, Campinas, v.58, n.1, p.7-14, 1999.

SILVA, L.L. Heterose e capacidade de combinação em cruzamentos dialélicos parciais de pimentão. 82p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz”, Universidade de São Paulo. Piracicaba, 2002.

SINHA, S.K.; KHANNA, R. Physiological, biochemical, and genetic basis of heterosis. **Advances in Agronomy**, New York, v.27, n.1, p.123-174, 1975.

SPOONER, D.M.; PERALTA, I.E.; KNAPP, S. Comparison of AFLPs with other markers for phylogenetic inference in wild tomatoes *Solanum* L. section *Lycopersicon* (Mill.) Wettst.J. **Táxon**, v.54, p. 43-61, 2005. <http://www.vcr.uwisc.edu/spoonerlab/pdf/Spooner%20et%20al.%20tomato%20AFLP.pdf>. (15 dezembro 2008).

SPOONER, D.M.; HETTERSCHEID, W.L.A.; VAN DEN BERG, R.G.; BRANDENBURG, W. Plant nomenclature and taxonomy: an horticultural and agronomic perspective. **Horticultural Review**, v.28, p.1-60, 2003. http://media.wiley.com/product_data/excerpt/22/04712154/0471215422.pdf. (15 dezembro 2008).

SOUZA, L.M. Cruzamentos dialélicos entre genótipos de tomate de mesa. 61p. Dissertação (Mestrado) – Instituto Agrônômico - IAC. Campinas, 2007.

SOUZA-DIAS, J.A.C.; YUKI, V.A.; RIBEIRO, S.G.; RAVAGNANE, V.A. Risca amarela da nervura do tomateiro é causada por geminivírus que infecta batata. **Summa Phytopathologica**, Jaboticabal, v.22, n.1, p.57, 1996.

SOUZA-DIAS, J.A.C.; SAWAZAKI, H.E. Herança hereditária. **Revista Cultivar**, v.26, p.19-22, Junho, 2004.

SPRAGUE, G.F.; TATUM, L.A. General vs. specific combining ability in single crosses of corn. **Journal of the American Society of Agronomy**, Madison, v.34, n.10, p. 923-932, 1942.

SRIVASTAVA, J.P.; SINGH, H.; SRIVASTAVA, B.P.; VERMA, H.P.S. Heterosis in relation to combining ability in tomato. **Vegetable Science**, New Delhi, v.25, p.43-47, 1998.

TAVARES, M. Heterose e estimativa de parâmetros genéticos em um cruzamento dialélico de pimentão (*Capsicum annuum* L.) 88p. Dissertação (Mestrado) - Escola Superior de Agricultura de Lavras - ESAL. Lavras, 1993.

TAYLOR, I.B. Biosystematics of the tomato. In Atherton, J.G. & Rudich, J. (eds.). **The Tomato Crop**. Chapman & Hall, New York, p.1-34, 1986.

TORRES, J.P.; MARINGONI, A.C. Métodos de inoculação, estádios de desenvolvimento fenológico da planta e reação de cultivares de feijoeiro a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. **Ciência e Agrotecnologia**, v.23, p.124-129, 1999.

TRINKLEIN, D.H.; LAMBETH, V.N. Reciprocal cross differences and combining ability for six diverse tomato lines. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, Geneva, v.100, n.6, p.650-2, 1975.

VAN REGENMORTEL, M.H.V.; FAUQUET, C.M.; BISHOP, D.H.L.; CARSTENS, E.; ESTES, M.K.; LEMON, S.; MANILOFF, J.; MAYO, J.A.; MCGEOCH, D.J.; PRIGLE, C.R.; WICKNER, R. **Virus taxonomy: seventh report of the International Committee on the Taxonomy of Viruses**. Academic Press: New York, 2000.

VENCOVSKY, R. Alguns aspectos teóricos e aplicados relativos a cruzamentos dialélicos de variedades. Piracicaba, 59p. Tese (Livre-Docência em Genética e Melhoramento de Plantas) – ESALQ/USP, 1970.

VENCOVSKY, R. Herança quantitativa. In: PATERNIANI, E.; VIÉGAS, G.P. (eds.). **Melhoramento e produção do milho no Brasil**. 2 ed. Campinas: Fundação Cargill, p.122-201, 1987.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 496p., 1992.

VIDAVSKY, F.; CZOSNEK, H. Tomato breeding lines resistant and tolerant to *Tomato yellow leaf curl virus* issued from *Lycopersicon esculentum*. **Phytopathology**, v.88, p.910-914, 1998.

VILLAS BÔAS, G.L.; FRANÇA, F.H.; ÁVILA, A.C.; BEZERRA, I.C. **Manejo integrado da mosca-branca *Bemisia argentifolii***. Brasília: EMBRAPA-CNPQ. (Circular Técnica da Embrapa Hortaliças, 9) p.11, 1997.

WARNOCK, S.J. A review of taxonomy and phylogeny of genus *Lycopersicon*. **HortScience**, Alexandria, v.23, n.4, p.669-673, 1988.

YATES, F. Analysis of data from all possible reciprocal crosses between a set of parental lines. **Heredity**, Edinburgh, v.1, n.3, p.287-301, 1947.

ZAKAY, Y.; NAVOT, N.; ZEIDAN, M.; KEDAR, N.; RABINOWITCH, H.; CZOSNEK, H.; ZAMIR, D. Screening of *Lycopersicon* accessions for resistance to *Tomato yellow leaf curl virus*: presence of viral DNA and symptom development. **Plant Disease**, v.75, p.279-281, 1991.

ZAMIR, D.; EKSTEIN-MICHELSON, I.; ZAKAY, Y.; NAVOT, N.; ZEIDAN, M.; SARFATTI, M.; ESHED, Y.; HAREL, E.; PLEBAN, T.; Van-OSS, H.; KEDAR, N.; RABINOWITCH, H.D.; CZOSNEK, H. Mapping and introgression of *Tomato yellow leaf curl virus* tolerance gene, *Ty-1*. **Theoretical and Applied Genetics**, v.88, p.141-146, 1994.

ZERBINI, F.M.; MACIEL-ZAMBOLIM, E.; FERNANDES, J.J.; GILBERTSON, R.L.; CARRIJO, I.V. Um novo geminivirus isolado de tomateiro (*L. esculentum*) em Minas Gerais. **Fitopatologia Brasileira**, v.21, p.430, 1996.

7 ANEXOS

Anexo 1 - Resultado da análise de solo da casa de vegetação utilizada para a avaliação de resistência de híbridos experimentais F₁ de tomate de mesa ao geminivírus - ToYVSV. Paulínia, SP, 2007.

Sigla	Descrição	Unidade	Valor
M.O.	Mat. Orgânica	g/dm ³	22,00
pH	Solução CaCl ₂	-	5,10
P	Fósforo Resina	ppm	27,50
K	Potássio	mmol./dm ³	1,64
Ca	Cálcio	mmol./dm ³	39,0
Mg	Magnésio	mmol./dm ³	9,00
H + Al	Ac. Potencial	mmol./dm ³	25,00
CTC	Cap. Troca Cat.	mmol./dm ³	74,60
V	Sat. Bases	%	66,50
B	Boro	ppm	0,11
Cu	Cobre	ppm	6,80
Fe	Ferro	ppm	46,50
Mn	Manganês	ppm	54,30
Zn	Zinco	ppm	3,30

Anexo 2 - Resultado da análise de solo do campo experimental utilizado para a avaliação de caracteres agronômicos de híbridos experimentais F₁ de tomate de mesa. Paulínia, SP, 2007.

Sigla	Descrição	Unidade	Valor
M.O.	Mat. Orgânica	g/dm ³	18,00
pH	Solução CaCl ₂	-	5,50
P	Fósforo Resina	ppm	94,20
K	Potássio	mmol./dm ³	4,63
Ca	Cálcio	mmol./dm ³	56,00
Mg	Magnésio	mmol./dm ³	14,00
H + Al	Ac. Potencial	mmol./dm ³	22,00
CTC	Cap. Troca Cat.	mmol./dm ³	96,60
V	Sat. Bases	%	77,20
B	Boro	ppm	0,10
Cu	Cobre	ppm	3,0
Fe	Ferro	ppm	44,1
Mn	Manganês	ppm	55,9
Zn	Zinco	ppm	4,8

Livros Grátis

(<http://www.livrosgratis.com.br>)

Milhares de Livros para Download:

[Baixar livros de Administração](#)

[Baixar livros de Agronomia](#)

[Baixar livros de Arquitetura](#)

[Baixar livros de Artes](#)

[Baixar livros de Astronomia](#)

[Baixar livros de Biologia Geral](#)

[Baixar livros de Ciência da Computação](#)

[Baixar livros de Ciência da Informação](#)

[Baixar livros de Ciência Política](#)

[Baixar livros de Ciências da Saúde](#)

[Baixar livros de Comunicação](#)

[Baixar livros do Conselho Nacional de Educação - CNE](#)

[Baixar livros de Defesa civil](#)

[Baixar livros de Direito](#)

[Baixar livros de Direitos humanos](#)

[Baixar livros de Economia](#)

[Baixar livros de Economia Doméstica](#)

[Baixar livros de Educação](#)

[Baixar livros de Educação - Trânsito](#)

[Baixar livros de Educação Física](#)

[Baixar livros de Engenharia Aeroespacial](#)

[Baixar livros de Farmácia](#)

[Baixar livros de Filosofia](#)

[Baixar livros de Física](#)

[Baixar livros de Geociências](#)

[Baixar livros de Geografia](#)

[Baixar livros de História](#)

[Baixar livros de Línguas](#)

[Baixar livros de Literatura](#)
[Baixar livros de Literatura de Cordel](#)
[Baixar livros de Literatura Infantil](#)
[Baixar livros de Matemática](#)
[Baixar livros de Medicina](#)
[Baixar livros de Medicina Veterinária](#)
[Baixar livros de Meio Ambiente](#)
[Baixar livros de Meteorologia](#)
[Baixar Monografias e TCC](#)
[Baixar livros Multidisciplinar](#)
[Baixar livros de Música](#)
[Baixar livros de Psicologia](#)
[Baixar livros de Química](#)
[Baixar livros de Saúde Coletiva](#)
[Baixar livros de Serviço Social](#)
[Baixar livros de Sociologia](#)
[Baixar livros de Teologia](#)
[Baixar livros de Trabalho](#)
[Baixar livros de Turismo](#)