



PAULO HENRIQUE CROSARA PINTO

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR
AMBIENTES NA SELEÇÃO E OTIMIZAÇÃO DE RECURSOS
NO MELHORAMENTO DO TOMATEIRO**

**LAVRAS - MG
2021**

PAULO HENRIQUE CROSARA PINTO

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES NA SELEÇÃO E
OTIMIZAÇÃO DE RECURSOS NO MELHORAMENTO DO TOMATEIRO**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras, como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação do Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas, para obtenção do título de Mestre.

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Prof. Dr. Vinícius Quintão Carneiro
Coorientador

Dr. Gustavo Evangelista Oliveira
Coorientador

**LAVRAS - MG
2021**

**Ficha catalográfica elaborada pelo Sistema de Geração de Ficha Catalográfica da Biblioteca
Universitária da UFLA, com dados informados pelo(a) próprio(a) autor(a).**

Pinto, Paulo Henrique Crosara.

Implicações da interação genótipos por ambientes na seleção e
otimização de recursos no melhoramento do tomateiro / Paulo Henrique
Crosara Pinto. - 2021.

53 p.

Orientador(a): José Airton Rodrigues Nunes.

Coorientador(a): Vinícius Quintão Carneiro, Gustavo Evangelista
Oliveira.

Dissertação (mestrado profissional) - Universidade Federal de
Lavras, 2021.

Bibliografia.

1. Correlação. 2. Biplot. 3. Predição de híbridos não testados. I.
Nunes, José Airton Rodrigues. II. Carneiro, Vinícius Quintão. III.
Oliveira, Gustavo Evangelista. IV. Título.

PAULO HENRIQUE CROSARA PINTO

**IMPLICAÇÕES DA INTERAÇÃO GENÓTIPOS POR AMBIENTES NA SELEÇÃO E
OTIMIZAÇÃO DE RECURSOS NO MELHORAMENTO DO TOMATEIRO**

**IMPLICATIONS OF GENOTYPE BY ENVIRONMENT INTERACTION ON
SELECTION AND OPTIMIZATION OF RESOURCES IN TOMATO
BREEDING**

Dissertação apresentada à Universidade Federal de Lavras,
como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação do
Mestrado Profissional em Genética e Melhoramento de Plantas,
para obtenção do título de Mestre.

APROVADA em 24 de agosto de 2021.

José Airton Rodrigues Nunes (Presidente), UFLA

Gustavo Evangelista Oliveira (Membro Externo), SYNGENTA

Tiago de Souza Marcal (Membro Interno), UFLA

Magno Antonio Patto Ramalho (Membro Interno), UFLA

Prof. Dr. José Airton Rodrigues Nunes
Orientador

Prof. Dr. Vinícius Quintão Carneiro
Coorientador

Dr. Gustavo Evangelista Oliveira
Coorientador

**LAVRAS - MG
2021**

A minha mãe Mirtes, ao meu pai Leoberto
e aos meus irmãos Marco Aurélio e Lisandra que sempre
me apoiaram em todas as minhas conquistas.
Dedico.

AGRADECIMENTOS

Agradeço primeiramente a Deus, pela oportunidade que me foi dada.

À minha família, meus pais Mirtes Cecília C. de C. Pinto e Leoberto de Carvalho Pinto, irmãos Marco A. C. Pinto e Lisandra C. de C. Pinto por terem me dado condições de estudar, o que me garantiu chegar até aqui.

Ao meu orientador José Airton, pela paciência e comprometimento com esse trabalho e à Universidade Federal de Lavras (UFLA) pelo programa de Mestrado Profissional.

Agradeço à Syngenta Seeds Ltda., por me permitir separar esse tempo de estudo e especialmente aos colegas de trabalho Gustavo Oliveira e Paulo Silva por todo o incentivo dado.

RESUMO

Ensaio multiambientais (MET) desempenham papel importante para subsidiar as decisões acerca da seleção e recomendação de híbridos e representam grande parte dos gastos em um programa de melhoramento de tomateiro, o que torna relevante avaliar o impacto da interação genótipos por ambientes (GxE) e a busca pela otimização e aplicação judiciosa de recursos por meio de métodos preditivos. Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a interação GxE a partir de MET em tomateiro e proceder à avaliação do inter-relacionamento dos ambientes e a predição do desempenho de híbridos em ambientes não testados para fins de otimização de recursos. Para tal utilizou-se dados de MET realizados nos anos agrícolas de 2017, 2018, 2019 e 2020 nas principais regiões produtoras de tomate do Brasil pela equipe de pesquisa da empresa Syngenta. Foram avaliados 52 híbridos distintos em um total de 39 experimentos quanto aos caracteres produtividade de frutos (kg/planta), classificação de frutos (3A, 2A e 1A) e massa média de fruto (kg). As análises foram realizadas usando a abordagem de modelos mistos, com a predição de híbridos não testados usando a estrutura de covariância genética do tipo simetria composta escolhida usando o critério de informação de Schwarz (BIC) e estudo da representatividade e formação dos mega-ambientes via método GGEBiplot. Houve efeito da interação GxE em todos os caracteres mensurados, sendo essa, de um modo geral, predominantemente simples para a maioria dos caracteres. A acurácia das predições dos híbridos em ambientes não testados foi moderada para produtividade, na qual a correlação genética média entre ambientes foi superior a 0,72. O ambiente Holambra mostrou-se representativo para todos os caracteres em estudo.

Palavras-chave: Correlação. Biplot. Predição de híbridos não testados. Mega-ambientes.

ABSTRACT

Multi-environment trials (MET) play an important role to support decisions about the selection and recommendation of genotypes and represent a large part of the expenses in a tomato breeding program, which makes it relevant to evaluate the impact of the genotype by environment interaction (GxE) and the search for the optimization and judicious application of resources through predictive methods. Thus, the objective of this work was to evaluate the GxE interaction from MET in tomato and to evaluate the interrelationship of environments and the prediction of the performance of hybrids in untested environments for resource optimization purposes. For this, we used MET data carried out in the agricultural years of 2017, 2018, 2019 and 2020 in the main tomato producing regions of Brazil by the research team of the company Syngenta. Fifty-two different hybrids were evaluated in a total of 39 experiments regarding the traits fruit yield (kg/plant), fruit classification (3A, 2A and 1A) and average fruit weight (kg). The analyses were carried out using the mixed model approach, with the prediction of untested hybrids using the compound symmetry genetic covariance structure chosen using the Schwarz information criterion (BIC) and study of the representativeness and formation of mega-environments via GGEbiplot method. There was an effect of GxE interaction for all characters measured. The GxE was predominantly non-crossover type for most traits. The accuracy of hybrid predictions in untested environments was moderate for yield, in which the mean genetic correlation across environments was greater than 0.72. The Holambra environment showed to be representative for all traits under study.

Keywords: Correlation. Biplot. Prediction of untested hybrids. Mega-environments.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1 – Experimento de competição de híbridos instalado em área de terceiros na cidade de Sumaré, São Paulo, safra 2018.....	23
Figura 2 – Caixa de madeira utilizada para classificação com as respectivas peneiras de 85 milímetros (peneira superior) e 65 milímetros (peneira inferior).....	24
Figura 3 – Representação gráfica das estimativas do coeficiente de variação experimental (C _{Ve}), herdabilidade generalizada na média de híbrido e acurácia com base na média de híbrido dos 39 experimentos de tomateiro conduzidos nos anos de 2017 a 2020 para os caracteres produtividade, massa média de frutos (AFW) e massa de frutos 3A, 2A e 1A por planta. Os valores médios estão representados pelas barras e os experimentos representados pelos pontos.....	29
Figura 4 – Gráficos para análise da acurácia da predição dos híbridos testados (T) e não testados (NT) nos ensaios multiambientais nos anos de 2017 a 2020 para os caracteres produtividade, massa média de fruto e massa de frutos 3A, 2A e 1A por planta.....	34
Figura 5 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter produtividade de frutos de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	35
Figura 6 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa média de frutos de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	36
Figura 7 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa de frutos 3A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	37

Figura 8 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa de frutos 1A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	38
Figura 9 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa de frutos 2A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	39
Figura 10 – Biplot e representação de polígono de formação de mega-ambientes para o caráter produtividade de frutos de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	41
Figura 11 – Biplot e representação de polígono de formação de mega-ambientes para o caráter massa média de frutos de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	42
Figura 12 – Biplot e representação de polígono de formação de mega-ambientes para o caráter massa de frutos 3A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	43
Figura 13 – Biplot e representação de polígono de formação de mega-ambientes para o caráter massa de frutos 2A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	44
Figura 14 – Biplot e representação de polígono de formação de mega-ambientes para o caráter massa de frutos 1A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.....	45

LISTA DE TABELAS

Tabela 1 - Híbridos testados nos experimentos multiambientais entre os anos de 2017 e 2020 (Continua).....	20
Tabela 1 - Híbridos testados nos experimentos multiambientais entre os anos de 2017 e 2020 (Conclusão).....	21
Tabela 2 - Total de híbridos por experimento e total de híbridos comuns entre experimentos multiambientais nos anos de 2017 a 2020.....	22
Tabela 3 - Número de experimentos por ano e total distribuídos ao longo dos anos de 2017, 2018, 2019 e 2020 nas macrorregiões de Capão Bonito, Sumaré, Anápolis e Caxias do Sul.....	23
Tabela 4 - Estimativas dos parâmetros: estatística de Wald do efeito de ambiente (χ_a^2), variância genética de híbridos (σ_h^2), variância da interação híbridos x ambientes (σ_{ha}^2), correlação genética média entre ambientes (r_B) dos ensaios multiambientais de 2017 - 2020 para os caracteres produtividade, massa média de frutos (AFW) e massa de frutos 3A, 2A e 1A por planta.....	32

SUMÁRIO

1	INTRODUÇÃO.....	13
2	REFERENCIAL TEÓRICO.....	15
2.1	Melhoramento genético do tomate e sua importância.....	16
2.2	Interação Genótipos x Ambientes (GxE) no melhoramento do tomateiro.....	16
2.3	Estratégias para lidar com a interação GxE.....	18
3	MATERIAL E MÉTODOS.....	19
3.1	Híbridos.....	19
3.2	Experimentos multiambientais.....	22
3.3	Caracteres avaliados.....	24
3.4	Análise estatísticas.....	24
4	RESULTADOS E DISCUSSÃO.....	26
4.1	Análises individuais.....	26
4.2	Análises multiambientais.....	29
4.3	Predição do desempenho de híbridos não avaliados.....	32
4.4	Representatividade e capacidade discriminativa dos ambientes e formação de mega-ambientes.....	34
5	CONCLUSÃO.....	46
6	REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	47
	PRODUTO TÉCNICO ATRELADO.....	52

1 INTRODUÇÃO

Oriundo dos Andes, a cultura do tomate hoje está presente de norte a sul no Brasil. A cultura vem sofrendo queda na área cultivada nos últimos anos, o que tem impactado o preço para os consumidores. Dentre os motivos da queda na área cultivada, podemos citar a descapitalização do produtor e a dificuldade no cultivo da cultura, enfrentando estresses bióticos e abióticos diariamente.

Devido a vasta extensão do território brasileiro, cada região produtora e até mesmo cada época de semeio demandam certas características dos híbridos para que eles possam ter um bom desempenho, que variam desde o tipo de crescimento da planta (determinado ou indeterminado) até resistências a doenças e viroses como o *Fusarium* raça 3 e geminivírus.

De acordo com dados da ABRASEM (2014) a cultura do tomate representa 26% do mercado de sementes de hortaliças, sendo ele o maior, seguido por cebola com 10%, pimentão e pimentas juntos com 10%, pepino e repolho com 7% cada. Esses dados demonstram o grande interesse que empresas possuem no mercado de sementes de tomate. Ainda de acordo com a Associação, existe no mundo cerca de 100 empresas e instituições trabalhando com o melhoramento de olerícolas.

Para que um novo híbrido de tomate tenha sucesso e possa expressar seu potencial produtivo nos locais no qual será cultivado, é necessário que antes de seu lançamento tenha sido feito um bom trabalho de seleção, isso inclui uma avaliação em diferentes regiões e em diferentes épocas de semeio, o que acarreta grandes dificuldades, principalmente de ordem econômica devido aos custos de implementação e condução dos programas de melhoramento. Dados internos da Syngenta indicam que para o lançamento de um novo híbrido de tomate gasta-se em torno de um milhão de dólares, desde as fases iniciais de desenvolvimento até a chegada ao mercado. Outro grande problema que ocorre durante a fase de seleção desses novos híbridos é o desbalanceamento estatístico devido à falta de sementes para todos os locais a serem testados.

Os ensaios multiambientais dentro de um programa de melhoramento de tomate nas empresas são bastantes onerosos e como são instalados em regiões que apresentam maior importância para a cultura, o gasto com tempo é bastante elevado para os pesquisadores principalmente nos que se diz respeito a coleta de dados para o cálculo de produtividade. A cultura do tomate tem ciclo bastante longo em campo aberto, podendo chegar a até 150 dias após o transplante, sendo que a época de colheita pode durar mais de 60 dias.

Uma metodologia que permita avaliar um maior número de híbridos possíveis dentro de

uma mesma safra e lidar com o desbalanceamento devido à falta de sementes seria de bastante valia, pois ajudaria a reduzir os custos e a mão-de-obra o que tornaria todo o processo mais eficiente. Neste tocante, tem-se a abordagem de modelos mistos que permite lidar com cenários de desbalanceamento e fazer o emprego de procedimentos preditivos de híbridos em ambientes não testados (PIEPHO, 1998; SMITH; CULLIS e GILMOUR, 2001; RESENDE, 2004; KELLY et. al. 2007; BURGUEÑO et. al. 2011; NUVUNGA et. al. 2015; FIGUEIREDO 2015). Por meio dos ensaios multiambientais também é possível fazer um estudo mais pormenorizado do inter-relacionamento dos ambientes usando métodos multivariados, a exemplo do método GGE Biplot, que permite caracterizar os ambientes em termos de representatividade, habilidade para discriminar os híbridos e auxiliar na definição de mega-ambientes (YAN; KANG, 2003).

Dessa forma, o objetivo desse trabalho foi avaliar a interação GxE a partir de MET em tomateiro, prever o desempenho de híbridos em ambientes não testados e proceder à avaliação do inter-relacionamento dos ambientes e para fins de otimização de recursos.

2 REFERENCIAL TEÓRICO

2.1 Melhoramento genético do tomate e sua importância

O tomate tem sua origem vinculada aos países da região Andina, países como Colômbia, Peru e Chile. Fortes evidências indicam que esta cultura foi difundida pelo mundo devido às colonizações espanhola e portuguesa. Segundo Alvarenga (2013), o tomate só foi introduzido no Brasil no final do século XIX, porém sua expansão e maior aceitação pelo mercado consumidor só ocorreu após a primeira guerra mundial.

A produção de tomate é destinada a dois grandes grupos consumidores, o mercado in natura e o mercado para processamento, cada qual com exigências diferentes. A safra mundial de tomate, no ano de 2019, totalizou mais de 5 milhões de hectares, sendo que no Brasil a área cultivada com essa cultura alcançou mais de 54 mil hectares (FAOSTAT, 2021). Segundo dados da CEPEA (2018), levando-se em consideração apenas as principais regiões produtoras, a área total cultivada com a cultura do tomate ultrapassa os 33 mil hectares. Como principais regiões produtoras de tomate para o mercado in natura destaca-se o Estado de São Paulo, com as regiões de Itapeva, Sumaré e Mogi Guaçu. O segmento redondo ou salada longa vida é o mais comercializado dentre os vários segmentos existentes (TREICHEL, 2016).

Para alcançar produtividade e rentabilidade para se manter no mercado atual, produtores adotam a utilização de híbridos em suas lavouras, que são obtidos através de programas de melhoramento genético, tanto em empresas públicas quanto em empresas privadas.

O melhoramento genético é uma importante ferramenta para a obtenção de novas cultivares, garantindo um ganho na produtividade e um melhor desempenho em tolerância a doenças, sendo cada vez mais comum a adoção de híbridos por parte dos produtores.

Segundo Nick e Borém (2016), o melhoramento de hortaliças no Brasil teve início no ano de 1938, podemos citar como pioneiro o Campo Experimental de Horticultura do Distrito de Domingos Petrolini, no Rio Grande do Sul. Nesse mesmo período, o Instituto Agrônomo em Campinas e a ESALQ em Piracicaba, ambas no estado de São Paulo, também deram início aos seus programas de melhoramento. Através desses dados reconhecemos a importância do setor público no desenvolvimento de programas de melhoramento em hortaliças, mesmo que atualmente se destaque a participação do setor privado. Ainda segundo os autores, o primeiro cultivar de tomate obtido no Brasil não foi resultado de um programa de melhoramento genético, dentro das possíveis versões de surgimento desta cultivar, está que ela foi originada através de um cruzamento natural ocorrido em uma lavoura comercial.

Os principais ganhos com o melhoramento, além do aumento da produtividade e tolerância a doenças, são a melhora em termos de vida pós-colheita do fruto, o chamado tomate longa vida. A primeira cultivar de tomate longa vida foi lançado no Brasil no ano de 1988 e a partir de então esse tipo de tomate, que suporta um maior tempo de prateleira, passou a dominar o mercado nacional.

Empresas privadas têm investido fortemente nos últimos anos em programas de melhoramento genético para o desenvolvimento de novos híbridos de tomate sempre com uma preocupação em relação à eficiência nos gastos dos recursos disponíveis.

Dentro de um programa de melhoramento o delineamento em blocos casualizados é o delineamento mais utilizado nas fases finais de seleção. Idealizado em 1925 por Ronald Fisher, esse tipo de delineamento, desde que bem instalado, lida bem com a heterogeneidade presente no solo.

2.2 Interação Genótipos x Ambientes (GxE) no melhoramento do tomateiro

Dentro dos programas de melhoramento, o conhecimento a respeito da interação Genótipos x Ambientes é de extrema importância (Borges et al., 2010). A interação Genótipos x Ambientes pode ser definida como a expressão diferenciada de um determinado genótipo devido as condições ambientais em que ele se desenvolve.

Cada região produtora e cada época de semeio de tomate no Brasil demanda certas características dos híbridos, o qual pode variar desde determinadas resistências a doenças até a determinadas características qualitativas, como firmeza do fruto e tolerância a micro rachaduras. Se pegarmos como exemplo a região Sul do estado de São Paulo, a exigência por materiais com resistência a geminivírus se faz necessária na época do último semeio, que compreende os meses de novembro a dezembro, porém essa mesma exigência não é necessária para a época de início de semeio, que compreende os meses de junho a agosto. Ainda a respeito da região Sul do Estado de São Paulo, quando comparamos as características ambientais enfrentada pelo híbridos durante cada época de semeio podemos ver a grande importância que a interação Genótipos x Ambientes possui, pois na época do primeiro semeio nessa região a cultura se desenvolve sob temperaturas amenas e seca e a colheita ocorre sob temperaturas mais elevadas e úmidas, quando partimos para a época do último semeio ocorre o inverso, a cultura se desenvolve sob temperaturas mais elevadas e úmidas e a colheita ocorre em época com temperatura mais amena e seca. Outro exemplo que podemos citar é com relação a tolerância a micro rachaduras, materiais com baixa tolerância a esse tipo de características qualitativas

podem ser posicionados em épocas de semeio com baixa precipitação pluviométrica, como em certas épocas de cultivo do estado de Goiás e da região de Sumaré.

A interação GxE no tomateiro tem sido amplamente estudada pelos pesquisadores, esses estudos têm indicado a existência de interação em diversas características do tomateiro, que variam desde a produtividade a até acúmulo de certas substâncias como o licopeno. Gualberto, Braz e Banzatto (2002) através do estudo da produtividade e da massa média de frutos de seis híbridos de tomate em nove ambientes concluíram que ocorreu interação Genótipos x Ambientes para a variável massa média de fruto.

Tiwari e Lal (2014) analisaram 25 híbridos de tomate em quatro ambientes e concluíram haver interação GxE significativa para características como altura de plantas e produtividade, porém não encontraram essa interação para a massa média de fruto, ainda de acordo com seus estudos, o componente linear da interação foi significativo para número de frutos por planta e produtividade.

Hossain, Rahman e A. Hossain (2006) concluíram ter interação GxE para as características número de fruto por planta e produtividade ao analisar 10 híbridos de tomate em cinco ambientes. Al-Aysh (2013) ao estudar 14 híbridos de tomate cultivados em três anos consecutivos concluiu haver interação Genótipos x Ambientes para características como o número de frutos por planta, massa média de fruto e produtividade, o autor ainda conclui que nesses casos, a previsão do desempenho desses híbridos pode ser viável.

Schwarz et al. (2013) em estudo em dois anos agrícolas de várias características qualitativas do tomateiro como firmeza, espessura do pericarpo, teor de sólidos solúveis, entre outras características, concluiu que houve interação híbrido x ano. Essa interação pode ocorrer também dentro do mesmo ano, em duas épocas diferentes de semeio, foi o que observou Pereira et al. (2012) em estudo realizado para avaliar a estabilidade e adaptabilidade de 15 híbridos de tomate em duas épocas de semeio (inverno e verão), tanto para a massa média de frutos comerciais quanto para produtividade comercial verificou-se efeito significativo da interação genótipo x época. Hossain et al. (2014) também concluiu em seu trabalho que a produtividade do tomateiro foi significativamente afetada pela época de semeio. Rashwan (2016) em estudo similar concluiu haver diferenças na interação genótipo x época de semeio para todos os caracteres avaliados (número de flores por planta, número de frutos por planta, % de pegamento de frutos, massa média por fruto e produtividade) em 15 híbridos diferentes de tomate cultivados sob condição favorável e sob temperaturas elevadas.

Bhalala e Acharya (2019) ao estudar o desempenho de 65 híbridos de tomate em três ambientes distintos, concluíram que a performance dos híbridos poderia ser razoavelmente

predita para algumas características quantitativas como produtividade de frutos por planta e massa média de fruto e também para características qualitativas como shelf life, açúcares solúveis e quantidade de licopeno e caroteno, visto que ocorreu interação G x E (Linear) para essas características. Panthee et al. (2013) ao estudar o desempenho de 42 híbridos de tomate concluíram que para as características como teor de licopeno e sólidos solúveis totais houve uma significativa interação GxE. Kuti e Konuru (2005) também concluíram que o ambiente de cultivo afetou a quantidade de licopeno produzida por tomates.

A respeito da classificação do tipo de interação GxE que ocorre, esta pode ser de natureza simples ou complexa. Quando se avalia muitos híbridos em ambientes distintos esse tipo de classificação fica dificultada e relatos na literatura a respeito desse assunto é bastante escasso, sendo que a maioria dos trabalhos se baseiam na utilização de métodos para estudo da estabilidade e adaptabilidade fenotípicas. Segundo Pereira et al. (2012), apesar de não terem sido feitas esse tipo de classificação da interação, analisando a produção comercial em duas épocas de cultivo (inverno e verão) os dados sugerem que ocorreu uma predominância de interação do tipo complexa. Schwarz et al. (2013) também não fez esse tipo de classificação em seu estudo, porém os dados indicam que ocorreu, em sua maioria, interação do tipo simples para a produtividade comercial em dois anos agrícolas diferentes, porém cultivados em mesma época.

2.3 Estratégias para lidar com a interação GxE

De acordo com Garbuglio et al. (2007), muitas vezes a interação GxE acaba se tornando um dificultador na seleção e indicação de híbridos de diversas espécies, pois os híbridos acabam se comportando de maneira diferente em ambientes distintos.

A fim de se explorar o melhor desempenho produtivo e melhor posicionamento de um determinado híbrido é necessário o estudo de sua interação GxE em diferentes regiões produtoras, o que nos leva aos ensaios multiambientais. Há na literatura diferentes metodologias de análise dessa interação, a escolha do método correto irá depender da informação que o pesquisador deseja extrair de seus dados, assim como do número de ambientes estudados e dos próprios dados que ele possui (NAVUNGA, 2014). Resende e Thompson (2004) afirmam em seu estudo que a análise dos ensaios multiambientais tem sido realizada através da análise conjunta de variância e do uso de regressão linear. Esses métodos não têm conseguido explicar grande parte dessas interações, assim como não conseguem informar sobre interações específicas com ambientes e em alguns casos falta linearidade nas relações GxE (OLIVEIRA,

2015).

Segundo Smith, Cullis e Thompson (2005) o uso de modelos mistos tem se tornado comum na análise de ensaios MET. Resende (2004) em seu estudo lista várias vantagens do uso de modelos mistos em detrimento do uso de modelos fixos (Anova), dentre elas podemos citar uma melhor precisão em estimar efeitos de tratamentos em ensaios desbalanceados.

Dentro dos modelos mistos, o uso do fator analítico (FA) para o estudo dos efeitos Genótipos x Ambientes tem ganhado bastante destaque pelos pesquisadores (KELLY et al., 2007). De acordo com Romão (2017), os modelos FA se tornaram populares no estudo de dados MET e da interação GxE por reunir em um só modelo a análise de adaptabilidade e estabilidade. Autores como Resende e Thompson (2004), Kelly et al. (2007), Romão (2017) e Oliveira (2015) demonstraram o sucesso na utilização desse tipo de modelo.

Extensões para o modelo linear misto padrão são necessárias para que se faça a análise combinada dos dados MET. Uma dessas extensões dos modelos mistos foi sugerida por Piepho em 1997, um modelo misto multiplicativo de FA analítico (FAMM) com efeitos de genótipo e GxE aleatórios (RESENDE; THOMPSON, 2004). O FAMM possui como base a análise de fatores (AF). De um modo geral, a análise de fatores define um conjunto de dimensões latentes comuns, denominado de fatores, ao analisar a estrutura das correlações entre muitas variáveis (NUVUNGA, 2014).

3 MATERIAL E MÉTODOS

3.1 Híbridos

Os híbridos avaliados nesse estudo pertencem a três grupos: um proveniente do programa brasileiro de melhoramento de tomate da Syngenta, oriundos de cruzamentos feitos em Holambra-SP, os quais foram selecionados para os ensaios multiambientais, tendo seu nome iniciado por “BR”; o segundo grupo é constituído por híbridos provenientes do programa de melhoramento europeu da Syngenta e o terceiro grupo é constituído pelos híbridos comerciais utilizados como padrões. O número de híbridos testados variou nos ensaios no período de 2017 a 2020, totalizando 52 híbridos diferentes, incluindo as testemunhas ou padrões (Tabelas 1 e 2).

Tabela 1 – Híbridos testados nos experimentos multiambientais entre os anos de 2017 e 2020 (Continua).

Híbrido	Ano			
	2017	2018	2019	2020
114572	X			
114594	X			
150029	X			
214452	X			
414929	X			
411451	X			
TL-145408	X			
TL130060	X			
TL130397	X			
BR170009 (Landall)		X	X	X
BR170010		X		
BR170011		X		
BR170012		X		
BR170013		X		
BR170014		X		
115936		X		
116519		X		
116527		X		

Fonte: do autor (2020).

Tabela 1 – Híbridos testados nos experimentos multiambientais entre os anos de 2017 e 2020 (Conclusão).

Híbrido	Ano			
	2017	2018	2019	2020
BR18B001			X	
BR18B002			X	
BR18B017			X	
BR18B004			X	
416381			X	
416384			X	
416517			X	
416351			X	
416483			X	
416487			X	
117510			X	
117543			X	
BR19B095				X
BR19B099				X
BR19B094				X
BR19B093				X
BR19B091				X
BR19B092				X
BR19B096				X
BR19B097				X
BR19B090				X
BR19B098				X
17AU009				X
Paronnty	X	X	X	X
Paron	X	X	X	
Compack	X	X	X	X
Dylla	X	X	X	
Forty	X	X		
Comodo	X			
Dominador	X	X		
Valerin		X	X	X
Itaipava			X	X
Tyson			X	
Paron Oxy				X

Fonte: do autor (2020).

Tabela 2 – Total de híbridos por experimento e total de híbridos comuns entre experimentos multiambientais nos anos de 2017 a 2020.

Código do ensaio	2017SP1	2017SP2	2017SP3	2017SP4	2017GO1	2017GO2	2017GO3	2018SP1	2018SP2	2018SP3	2018SP4	2018SP5	2018GO1	2018GO2	2018GO3	2018RS1	2018RS2	2019SP1	2019SP2	2019SP3	2019SP4	2019SP5	2019SP6	2019GO1	2019GO2	2019GO3	2019GO4	2020SP1	2020SP2	2020SP3	2020SP4	2020SP5	2020SP6	2020SP7	2020SP8	2020GO1	2020GO2	2020GO3	2020GO4											
2017SP1	13																																																	
2017SP2	13	13																																																
2017SP3		13	11	12	10	11	10																																											
2017SP4			12	12	9	9	9	2	3	2	3	4	1	1	1																																			
2017GO1				13	10	10	10	2	3	2	3	4	1	1	1																																			
2017GO2					12	12	12	0	1	0	1	2	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2					
2017GO3						13	12	0	1	0	1	2	3	3	3	1	1	1	1	1	1	1	1	1	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2				
2018SP1								12	12	12	9	12	5	4	10	11	11	3	3	3	3	3	3	3	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2				
2018SP2									13	12	11	13	5	4	10	12	12	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4			
2018SP3										12	9	12	5	4	10	11	11	3	3	3	3	3	3	3	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2	2		
2018SP4											10	10	2	2	7	10	10	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4			
2018SP5												14	6	5	11	12	12	4	4	4	4	4	4	4	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5	5			
2018GO1													8	7	8	4	4	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3				
2018GO2														7	7	3	3	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3				
2018GO3															13	9	9	1	1	1	1	1	1	1	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3	3				
2018RS1																12	12	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4				
2018RS2																	12	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4	4			
2019SP1																		16	16	16	16	15	16	13	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
2019SP2																			16	16	16	15	16	13	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
2019SP3																				17	16	17	13	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
2019SP4																					16	15	16	13	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
2019SP5																					16	16	14	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15	15		
2019SP6																					17	14	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
2019GO1																						16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16	16		
2019GO2																						18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18		
2019GO3																							18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18		
2019GO4																								18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18	18		
2020SP1																									14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14		
2020SP2																										14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020SP3																											14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020SP4																												14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020SP5																													14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020SP6																														14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020SP7																															14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020SP8																																14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020GO1																																	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14		
2020GO2																																		14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020GO3																																			14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	
2020GO4																																				14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14	14

Fonte: do autor (2020).

3.2 Experimentos multiambientais

Os dados para análises são oriundos do programa de melhoramento de tomate da Syngenta. Os experimentos foram conduzidos nos anos agrícolas de 2017, 2018, 2019 e 2020 nas macrorregiões de Capão Bonito e Sumaré no estado de São Paulo, Anápolis em Goiás e Caxias do Sul no Rio Grande do Sul em praticamente todas as épocas de semeio para essas regiões. Dentro da macrorregião de Capão Bonito, além da cidade que dá o nome a macrorregião, está a cidade de Itapeva. A macrorregião de Sumaré envolve as cidades de Holambra e Mogi Guaçu e a macrorregião de Anápolis envolve as cidades de Goianápolis, Leopoldo de Bulhões, Abadiânia e Souzaânia. A seguir, é apresentada a tabela contendo a quantidade de ensaios por ano e macrorregiões.

Tabela 3 – Número de experimentos por ano e total distribuídos ao longo dos anos de 2017, 2018, 2019 e 2020 nas macrorregiões de Capão Bonito, Sumaré, Anápolis e Caxias do Sul.

Ano	Macrorregião				Total
	Capão Bonito	Sumaré	Anápolis	Caxias do Sul	
2017	02	02	03	-	07
2018	02	03	03	02	10
2019	02	04	04	-	10
2020	02	06	04	-	12
					39

Fonte: do autor (2020).

Na Figura 1, temos uma representação de um experimento instalado na macrorregião de Sumaré na safra de 2018. Os ensaios foram conduzidos em campo aberto, em delineamento em blocos ao acaso, com duas repetições e 12 plantas por parcela. O espaçamento variou de ensaio para ensaio, sempre adotando o espaçamento utilizado pelo agricultor. Com exceção dos experimentos conduzidos na cidade de Holambra, nos quais foram realizados dentro da estação experimental da Syngenta, os demais experimentos foram conduzidos em área de terceiros e os tratamentos culturais nos ensaios foram realizados pelos produtores, variando de produtor para produtor.

Figura 1 – Experimento de competição de híbridos instalado em área de terceiros na cidade de Sumaré, São Paulo, safra 2018.



Fonte: do autor (2018).

3.3 Caracteres avaliados

Para o cálculo da produtividade e classificação dos frutos, foram realizadas colheitas semanais, adotando como fim da colheita quando fosse alcançada a décima segunda penca.

As variáveis analisadas foram:

- Produtividade: massa de frutos comerciais, em quilogramas por planta.
- Classificação dos frutos: massa total de frutos por diâmetro em três grupos, frutos maiores que 85 milímetros (3A), frutos entre 65 e 85 milímetros (2A) e frutos menores que 65 milímetros (1A), em quilogramas por planta.
- Massa média de fruto (AFW): relação obtida através da massa total de frutos e número de frutos colhido, em quilogramas.

Para a classificação dos frutos, utilizou-se uma caixa de madeira dotada de duas peneiras que fazem a separação dos frutos de acordo com seu diâmetro, conforme ilustrado na Figura 2.

Figura 2 – Caixa de madeira utilizada para classificação com as respectivas peneiras de 85 milímetros (peneira superior) e 65 milímetros (peneira inferior).



Fonte: acervo da Syngenta (2018).

3.4 Análises estatísticas

Após a coleta dos dados, foram realizadas as análises individuais a fim de se avaliar a presença de variação genotípica entre os híbridos de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$\mathbf{y} = \mathbf{X}\boldsymbol{\beta} + \mathbf{Z}_h\mathbf{u}_h + \mathbf{e},$$

em que:

\mathbf{y} : vetor de dados;

\mathbf{X} : matriz do modelo dos efeitos fixos;

β : vetor dos efeitos fixos da constante e dos blocos;

Z_h : matriz do modelo dos efeitos aleatórios dos híbridos;

u_h : vetor dos efeitos aleatórios dos híbridos, $u_h \sim N(0, I_h \sigma_h^2)$, sendo σ_h^2 a variância genotípica entre híbridos e I_g a matriz identidade da ordem do número de híbridos;

e : vetor de erros, $e \sim N(0, I_n \sigma_e^2)$, sendo σ_e^2 a variância ambiental e I_n a matriz identidade da ordem do número de parcelas.

A estimação dos componentes de variância foi feita pelo método da máxima verossimilhança residual (REML). A significância da variância genotípica dos híbridos foi verificada pelo teste de razão de verossimilhanças (LRT) a 5% de probabilidade. Foram obtidas as estimativas BLUE (best linear unbiased estimate) dos efeitos fixos e as previsões BLUP (best linear unbiased prediction) dos efeitos de híbridos.

Para cada ensaio foram estimados os seguintes parâmetros relacionados com a qualidade e precisão experimental: acurácia com base na média de híbrido pelo estimador (Resende; Duarte,

2007): $r_{h\bar{h}} = \sqrt{1 - PEV_h / \hat{\sigma}_h^2} \times 100$, em que PEV_h é a variância do erro de previsão associado

ao BLUP do híbrido; herdabilidade generalizada de Cullis, Smith e Coombes (2006) na média

de híbrido (H^2) pelo estimador: $H^2 = \left[1 - \left(\frac{v_{BLUP}}{2 \times \hat{\sigma}_h^2} \right) \right] \times 100$; e o coeficiente de variação

experimental (CVe) pelo estimador: $CVe = \hat{\sigma}_e / \bar{y} \times 100$, em que \bar{y} é a média do ensaio.

A análise multiambientes foi realizada de acordo com o seguinte modelo estatístico:

$$y = X\beta + Z_h u_h + e,$$

em que:

y : vetor de dados;

X : matriz do modelo dos efeitos fixos;

β : vetor dos efeitos fixos da constante, ambientes e blocos dentro de ambientes;

Z_h : matriz do modelo dos efeitos aleatórios dos híbridos dentro dos ambientes;

u_h : vetor dos efeitos aleatórios dos híbridos dentro dos ambientes, $u_h \sim N(0, \Sigma_a \otimes I_h)$, sendo Σ_a a matriz de covariâncias genotípicas dos híbridos entre os ambientes e I_h é a matriz identidade da ordem do número de híbridos;

e : vetor de erros, $e \sim N(0, D \otimes I_n)$, sendo D a matriz diagonal de variâncias ambientais heterogêneas e I_n é a matriz identidade da ordem do número de observações.

Foi aplicado o teste LRT à 5% de probabilidade para avaliar a hipótese de homogeneidade das variâncias residuais. A escolha da estrutura de covariâncias genotípicas Σ_a foi realizada usando o critério de informação de Schwarz (BIC). Foram avaliadas algumas estruturas, como

a simetria composta, fator analítico com um e dois fatores, simetria composta heterogênea e não-estruturada. A significância dos efeitos fixos de ambientes foi avaliada pelo teste de Wald à 5% de probabilidade, enquanto a significância dos componentes de variância foi avaliada pelo teste LRT à 5% de probabilidade. A predição dos híbridos em ambientes não testados e a respectiva acurácia foi obtida a partir do ajuste do modelo e estrutura de covariância escolhida. As análises usando a abordagem de modelos mistos foram realizadas por meio do pacote ASreml-R (BUTLER, 2020) do software R (R CORE TEAM, 2020).

Adicionalmente, foi realizada a análise pelo método GGE Biplot - Genotype Main Effects + Genotype by Environment Interaction dos ensaios multiambientais em cada ano no intuito de avaliar o inter-relacionamento dos ambientes (YAN; KANG, 2003). Esta análise foi realizada a partir das predições BLUP dos efeitos de híbridos e da interação genótipos x ambientes ($h + ha$) de acordo com o seguinte modelo:

$$h_i + ha_{ik} = \lambda_1 \gamma_{i1} \delta_{1k} + \lambda_2 \gamma_{i2} \delta_{2k} + \rho_{ik} \quad (4)$$

em que: h_i : predição do efeito do valor genotípico do híbrido i ; ha_{ik} : predição do efeito aleatório da interação do híbrido i no ambiente k ; λ_1 e λ_2 : valores singulares dos componentes principais (CP) 1 e 2, respectivamente; γ_{i1} e γ_{i2} : elementos dos autovetores dos CP 1 e 2, respectivamente, relacionados ao híbrido i ; δ_{1m} e δ_{2m} : elementos dos autovetores dos CP 1 e 2, respectivamente, relacionados ao ambiente k ;

Foram gerados gráficos biplots para descrever os ambientes em termos de representatividade e capacidade discriminativa e também avaliar a formação de mega-ambientes (YAN; TINKER, 2006). A análise GGE Biplot foi realizada usando o pacote GGEBiplots (DUMBLE, 2017).

4 RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 Análises individuais

A partir das análises dos ensaios individuais, observou-se variância significativa entre híbridos para todos os caracteres estudados, evidenciando a variabilidade genética existente. Expressiva variabilidade foi observada para massa de frutos 3A, em que somente em dois experimentos não foram detectadas diferenças entre os híbridos. Para produtividade, em aproximadamente 38% dos experimentos, foi detectada variação entre híbridos.

Analisando a Figura 3, para o caráter produtividade, o coeficiente de variação experimental (CVe) médio foi de 12,19%, variando de 5,18% a 24,90%. Esses valores corroboram aos

relatados na literatura. Medeiros et. al. (2011) obtiveram um CVe de 35,73% para a produção em ambiente protegido, enquanto Fontes et. al. (2004) reportaram um CVe médio de 5,19% para a produtividade em diferentes ambientes. Schwarz et. al. (2013) ao avaliarem o desempenho de cultivares de tomate em campo aberto em dois anos obtiveram valores de CVe de 22,3% e 13,8%. Segundo levantamento realizado por Cruz et. al. (2012), valores de CVe entre 2,20 e 27,60 podem ser considerados de precisão média em experimentos com tomate em ambiente protegido para produtividade comercial de frutos. Segundo Resende e Duarte (2007), o CVe em experimentos com baixo número de repetições pode não ser um bom indicativo da precisão da avaliação genotípica realizada, mesmo sendo obtidos valores baixos de CVe. Neste caso, os autores recomendam o uso da acurácia como indicativo para a precisão experimental.

Em termos de acurácia de seleção na média do híbrido ($r_{h\tilde{h}}$), aproximadamente 60% dos experimentos foram classificados com precisão alta ($70\% < r_{h\tilde{h}} < 90\%$) ou muito alta ($> 90\%$), com média ao redor de 66%, quanto a produtividade (Figura 3). Os valores encontrados variaram de 0%, experimentos em que a variância genética foi nula, a 94%. Spagnuolo et. al. (2016) ao estudar o desempenho de 12 híbridos de tomate avaliados em dois locais ao longo do ano de 2014 obtiveram acurácia de 89% para a produtividade. Vale ressaltar, que ambos os experimentos destes autores foram realizados em cultivo protegido, o que pode explicar a diferença quando comparados com os valores obtidos neste trabalho. A acurácia não é um parâmetro imutável, sendo influenciada pela variação genética expressa e por fatores ambientais. Carvalho (2015) obteve uma acurácia média para a produtividade de 79% ao analisar ensaios multiambientes de feijão-caupi ao longo de três anos e obteve valores variando entre 24% e 98%.

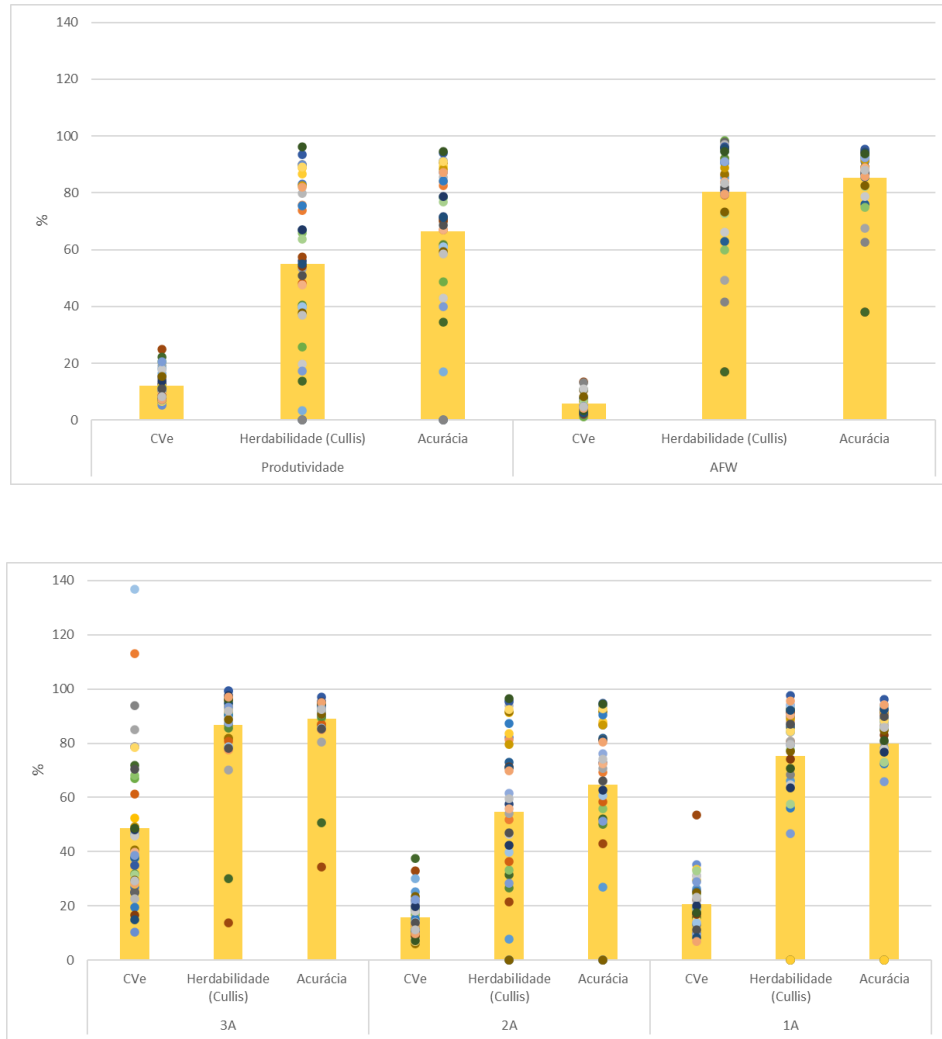
Outro parâmetro avaliado relacionado com a precisão experimental foi a herdabilidade, estimada seguindo a abordagem proposta por Cullis, Smith e Coombes (2006) e a qual tem alta correlação com a acurácia seletiva (RESENDE; DUARTE, 2007). Valores elevados de acurácia e herdabilidade indicam uma elevada confiabilidade em realizar a seleção de híbridos. Em termos de herdabilidade média ao longo dos anos, a herdabilidade foi de magnitude alta para produtividade ($H^2 > 50\%$), segundo Simeão et. al. (2002). Analisando os experimentos separadamente, os valores de H^2 para produtividade oscilaram entre 0% e 96,13% (Figura 3). Com isto, à semelhança do que ocorreu com a acurácia, as estimativas de H^2 variaram ao longo dos locais e anos testados. Amaefula, Agbo e Nwofia (2014) encontraram valores de até 59,98% para a herdabilidade no sentido restrito para produtividade de híbridos de tomate, enquanto Gosh et. al. (2010) encontraram valor de 75,71%. Marinho (2018), também ao realizar estudos em tomate, encontrou valor de 3,34% para a herdabilidade no sentido restrito para a

produtividade, e Khan et. al. (2017) ao estudar caracteres quantitativos em tomate encontrou valor de 92,68%.

Para o caráter massa média de fruto, o CVe médio foi de 5,69%, variando de 1,17% a 13,47% (Figura 3). Roquejani et. al. (2007) obtiveram CVe de 7,47% em ambiente protegido e Singh et. al. (2015) de 3,49%. Essa amplitude encontrada nos valores de CVe pode ser explicada devido às diferenças ambientais dos experimentos, a exemplo de diferenças de incidência de doenças foliares, em cujos ensaios os CVe observados foram mais elevados. Segundo Cruz et. al. (2012), CVe entre 0,90% e 31,50% podem ser considerados médios para massa média de frutos. A respeito da acurácia, 89,7% dos experimentos tiveram magnitude alta ou muito alta com uma acurácia média de 85,24% ao longo dos anos (Figura 3). Os valores de acurácia variaram entre 38% e 95%. Spagnuolo et. al. (2016) encontraram uma acurácia de 92% para a massa média de fruto. Em relação a herdabilidade, o valor médio encontrado foi de 80,27%, considerado de alta magnitude, oscilando entre 16,96% e 98,45% (Figura 3). Ainda para massa média de frutos, Singh et. al. (2015) ao estudar a herdabilidade para vários caracteres quantitativos de 35 híbridos de tomate, encontraram valor médio de herdabilidade no sentido amplo de 98,72% e Ghosh et. al. (2010) encontraram valor de 73,95% ao estudar híbridos F₂.

Para os caracteres de classificação de frutos, ou seja, massa de frutos 3A, 2A e 1A por planta, os CVe's médios obtidos foram de 48,68%, 15,92% e 20,67%, notando-se que o maior CVe e a maior amplitude de valores foram observadas para o caráter 3A (Figura 3). Fontes et. al. (2004) ao estudar a produção de tomate em diferentes ambientes e classificar a produtividade em frutos grandes, médios e pequenos obteve CVe's de 67%, 12,57% e 27,5%, respectivamente. Em termos de acurácia, 94,87%, 56,41% e 89,74% dos experimentos apresentaram magnitude alta ou muito alta para massa de frutos 3A, 2A e 1A, respectivamente (Figura 3). Assim, pode-se classificar a acurácia para esses caracteres como alta para frutos 3A e 1A e moderada para frutos 2A. Com relação a herdabilidade, o maior valor médio observado foi de 86,81% para o caráter massa de frutos 3A, enquanto para frutos 2A e frutos 1A as herdabilidades foram de 54,57% e 75,17%, respectivamente (Figura 3). Dados na literatura acerca da herdabilidade para classificação de frutos são escassos, porém Singh et. al. (2015) e Ghosh et. al. (2010) encontraram valores de 95,15% e 76,20% para a herdabilidade do diâmetro de fruto, caráter levado em consideração para a classificação de frutos em tomate.

Figura 3 – Representação gráfica das estimativas do coeficiente de variação experimental (CVe), herdabilidade generalizada na média de híbrido e acurácia com base na média de híbrido dos 39 experimentos de tomateiro conduzidos nos anos de 2017 a 2020 para os caracteres produtividade, massa média de frutos (AFW) e massa de frutos 3A, 2A e 1A por planta. Os valores médios estão representados pelas barras e os experimentos representados pelos pontos.



Fonte: do autor (2021).

4.2 Análises multiambientais

Pela Tabela 2 fica caracterizado o grau de desbalanceamento ao longo dos ensaios multiambientais realizados, em que houve uma variação expressiva dos híbridos avaliados nos diferentes anos, o que decorre da falta de sementes, uso de padrões comerciais diferentes para cada região, visto a dinâmica do mercado de sementes de tomate, além de em um programa de melhoramento novos híbridos são adicionados ao passar dos anos, alguns são promovidos para uma fase seguinte ou são descartados e também devido a mudança dos padrões comerciais

utilizados.

Para a realização das análises multiambientais, foram testadas diferentes estruturas de covariância genética entre ambientes, sendo a estrutura de simetria composta (CS), a qual pressupõe variâncias genéticas homogêneas nos ambientes, bem como covariâncias genéticas entre pares de ambientes iguais foi a escolhida com base no critério de informação de Schwarz (BIC), o qual considera simultaneamente a adequacidade de ajuste e a parcimônia em termos de parâmetros presentes no modelo. Dessa forma, todas as inferências e análises posteriores foram realizadas considerando a estrutura CS.

A partir das análises multiambientais, foi observado, para todos os caracteres, que o efeito de ambiente, variância genética entre híbridos e variância da interação genótipos x ambientes foram significativos ($P < 0,05$) nos anos de 2017 a 2020 (Tabela 4). O efeito do ambiente foi expressivo para todos os caracteres. Resultados semelhantes para produtividade e massa média de frutos foram reportados por Tiwari e Lal (2014) e Gualberto, Braz e Banzatto (2002).

A variância da interação genótipos x ambientes evidencia o desempenho relativo diferenciado dos híbridos frente aos ambientes em teste, o que pode dificultar a recomendação de híbridos e a predição dos híbridos em ambientes não testados, principalmente em casos em que a variância da interação foi superior a variância genética. Analisando os componentes de variância vemos que as contribuições dos efeitos variaram ao longo dos anos para alguns dos caracteres (Tabela 4). Para a produtividade, nos três primeiros anos do estudo, as variâncias genéticas de híbridos foram maiores que as da interação genótipos x ambientes, revelando que o efeito genético teve maior contribuição na variabilidade da produtividade, porém isso se inverteu no último ano, em que o efeito da interação foi mais pronunciado. Esse fato pode estar associado à mudança de híbridos testados nos diferentes anos, bem como devido a influência da interação híbrido x ambiente x ano.

Para a massa média de fruto, a variância de híbridos foi maior que a da interação híbridos x ambientes em todos os anos, revelando que o efeito genético teve maior contribuição na variabilidade para esse caráter (Tabela 4). Gualberto, Braz e Banzatto (2002) e Bhalala e Acharya (2019) também encontraram uma contribuição maior do efeito genético para a produtividade e massa média de fruto. Para a classificação de fruto, essa contribuição variou entre os caracteres para frutos 3A e 1A, em que o efeito genético teve uma maior contribuição na variabilidade do que a interação, enquanto para frutos 2A o efeito da interação teve uma maior contribuição, ou seja, as variâncias da interação foram maiores que as variâncias genéticas, exceto para o ano de 2019 (Tabela 4).

A correlação genética média entre ambientes (r_B) foi calculada da seguinte maneira: $r_B =$

$\frac{\sigma_h^2}{\sigma_h^2 + \sigma_{ha}^2}$. Todos os caracteres apresentaram correlação genética média entre os pares de ambientes positiva, porém de magnitude variável (Tabela 4). Para a produtividade, a correlação média durante os anos foi de 0,60, considerada de magnitude média, oscilando entre 0,48 no ano de 2020 e 0,72 no ano de 2017. Para massa média de frutos, ocorreu uma correlação alta entre ambientes, com uma média de 0,77, oscilando entre 0,73 no ano de 2017 a 0,81 no ano de 2019, sendo o caráter que apresentou a melhor consistência no desempenho relativo dos híbridos nos ambientes. Entre os caracteres de classificação de frutos, frutos 2A foi o que apresentou menores valores para a correlação e a maior oscilação entre valores, com média de 0,47 e variando entre 0,19 no ano de 2020 e 0,73 no ano de 2019 (Tabela 4). Os caracteres frutos 3A e 1A apresentaram uma correlação genética alta entre ambientes, com médias de 0,72 e 0,78, respectivamente. Os anos em que a variância da interação híbridos x ambientes superou a variância genética resultaram correlações genéticas entre ambientes menores, retratando a predominância de interação do tipo mais complexa, ou seja, aquela que promove mudanças de ordenamento dos híbridos nos ambientes testados.

Tabela 4 - Estimativas dos parâmetros: estatística de Wald do efeito de ambiente (χ_a^2), variância genética de híbridos (σ_h^2), variância da interação híbridos x ambientes (σ_{ha}^2), correlação genética média entre ambientes (r_B) dos ensaios multiambientes de 2017 - 2020 para os caracteres produtividade, massa média de frutos (AFW) e massa de frutos 3A, 2A e 1A por planta.

Ano	Parâmetro	Produtividade	AFW	3A	2A	1A
2017	χ_a^2	467,46*	231,79*	54,73*	551,81*	184,82*
	σ_h^2	0,43*	2,40x10 ⁻⁴ *	0,03*	0,19*	0,10*
	σ_{ha}^2	0,17*	8,73x10 ⁻⁵ *	0,03*	0,21*	0,03*
	r_B	0,72	0,73	0,50	0,48	0,77
2018	χ_a^2	1126,59*	464,26*	383,31*	337,27*	396,81*
	σ_h^2	0,40*	2,44x10 ⁻⁴ *	0,09*	0,43*	0,05*
	σ_{ha}^2	0,35*	6,87x10 ⁻⁵ *	0,05*	0,48*	0,01*
	r_B	0,53	0,78	0,64	0,47	0,83
2019	χ_a^2	1987,57*	876,48*	315,14*	1181,60*	476,36*
	σ_h^2	0,19*	1,46x10 ⁻⁴ *	0,04*	0,22*	0,26*
	σ_{ha}^2	0,10*	3,44x10 ⁻⁵ *	0,01*	0,08*	0,03*
	r_B	0,66	0,81	0,80	0,73	0,9
2020	χ_a^2	2265,40*	686,20*	486,89*	992,3*	532,88*
	σ_h^2	0,16*	1,11x10 ⁻⁴ *	0,03*	0,05*	0,06*
	σ_{ha}^2	0,19*	3,60x10 ⁻⁵ *	1,59x10 ⁻³ *	0,23*	0,04*
	r_B	0,48	0,76	0,95	0,19	0,6

Fonte: do autor (2021).

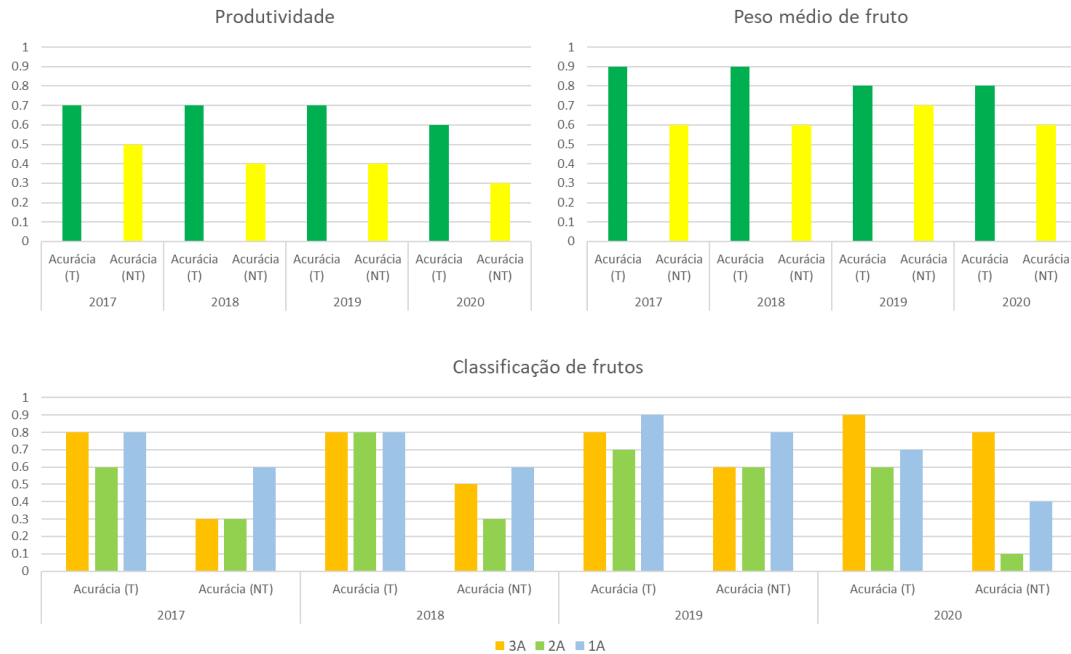
4.3 Predição do desempenho de híbridos não avaliados

Para todos os caracteres, a acurácia da predição dos híbridos testados foi maior do que os híbridos não testados (Figura 4). Para a produtividade, a média da acurácia da predição foi de 0,68 para os híbridos testados (T) e 0,4 para híbridos não testados (NT), sendo classificadas como moderada e baixa, respectivamente. Porém, nos anos em que a correlação genética entre os ambientes foi superior a 0,72, a acurácia dos híbridos NT foi moderada, o que mostra que em anos com uma alta correlação entre ambientes a metodologia utilizada apresentou uma melhoria da capacidade preditiva, o que está associado à maior predominância de interação híbridos x ambientes do tipo simples.

Para a massa média de frutos, a média da acurácia da predição foi alta (0,85) e moderada (0,63) para híbridos T e híbridos NT, respectivamente (Figura 4). Para os caracteres de classificação de frutos, frutos 3A e 1A apresentaram acurácia alta para os híbridos T, com médias de 0,83 e 0,80, respectivamente, e moderada para os híbridos NT, com médias de 0,55 e 0,60, respectivamente. A acurácia da predição aumentou durante os anos, acompanhando o aumento da correlação genética entre os ambientes. Para Frutos 2A, a acurácia de predição foi moderada para híbridos T, com média de 0,68, enquanto para híbridos NT essa acurácia foi baixa, média de 0,33 (Figura 4). Essa redução na habilidade preditiva está associada ao fato que em três anos do estudo, o valor da correlação genética entre ambientes ficou abaixo de 0,50.

De modo geral, para todos os caracteres, os ensaios multiambientais em anos em que a correlação genética média entre ambientes foi inferior a 0,6 tiveram uma baixa acurácia de predição dos híbridos NT, o que indica que para esses casos a metodologia não foi suficientemente capaz de modelar adequadamente a interação híbridos x ambientes. Neste caso, é recomendável a busca por modelos/métodos com maior habilidade preditiva, a exemplo daqueles que levem em conta covariáveis ambientais e/ou maior caracterização dos ambientes (HESLOT et al. 2014; JARQUÍN et al. 2014; COSTA NETO et al. 2020; RESENDE et al. 2021).

Figura 4 – Gráficos para análise da acurácia da predição dos híbridos testados (T) e não testados (NT) nos ensaios multiambientais nos anos de 2017 a 2020 para os caracteres produtividade, massa média de fruto e massa de frutos 3A, 2A e 1^a por planta.



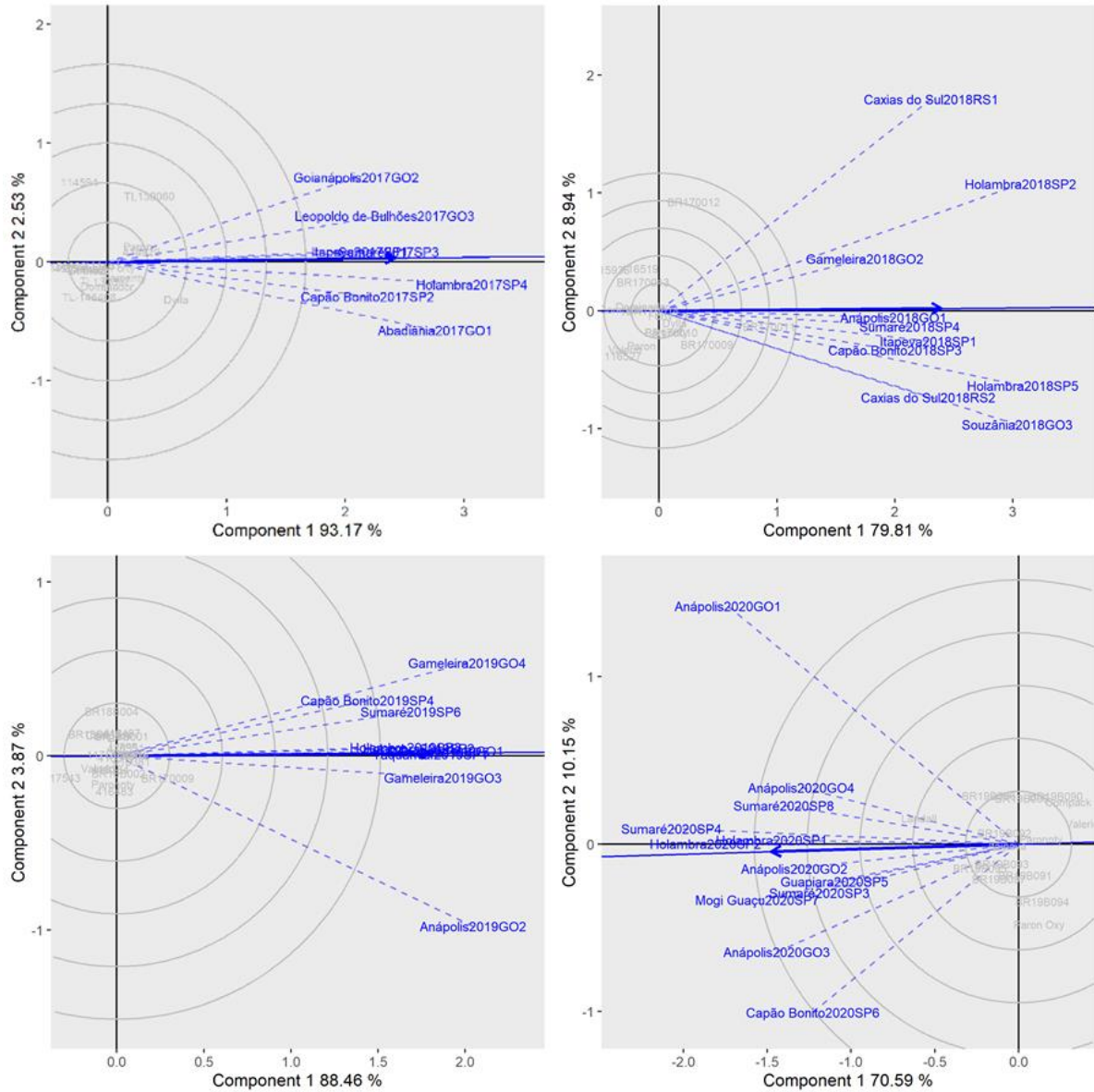
Fonte: do autor (2021).

4.4 Representatividade e capacidade discriminativa dos ambientes e formação de mega-ambientes

Em média 89% da variação de $G+(G \times E)$ para a característica produtividade foi explicada pelos dois primeiros componentes principais (Figura 5). Analisando o ângulo formado entre os vetores ambientais, podemos concluir de maneira geral que os ambientes tiveram uma correlação positiva, visto que há a predominância da formação de ângulos agudos entre os vetores, corroborando a correlação genética média de 0,60 nas análises multiambientais dos anos de 2017 a 2020 apresentado na Tabela 4.

Holambra foi o ambiente mais representativo para todos os anos e esteve entre os ambientes mais discriminativos para os anos de 2017 e 2018, enquanto Anápolis foi o ambiente mais discriminativo nos anos de 2019 e 2020 (Figura 5). Analisando o ano de 2018 para o ambiente de Holambra, podemos concluir que a época de semente influenciou na representatividade do ambiente, pois os ensaios SP2 e SP5 foram conduzidos em épocas distintas.

Figura 5 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter produtividade de frutos de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.

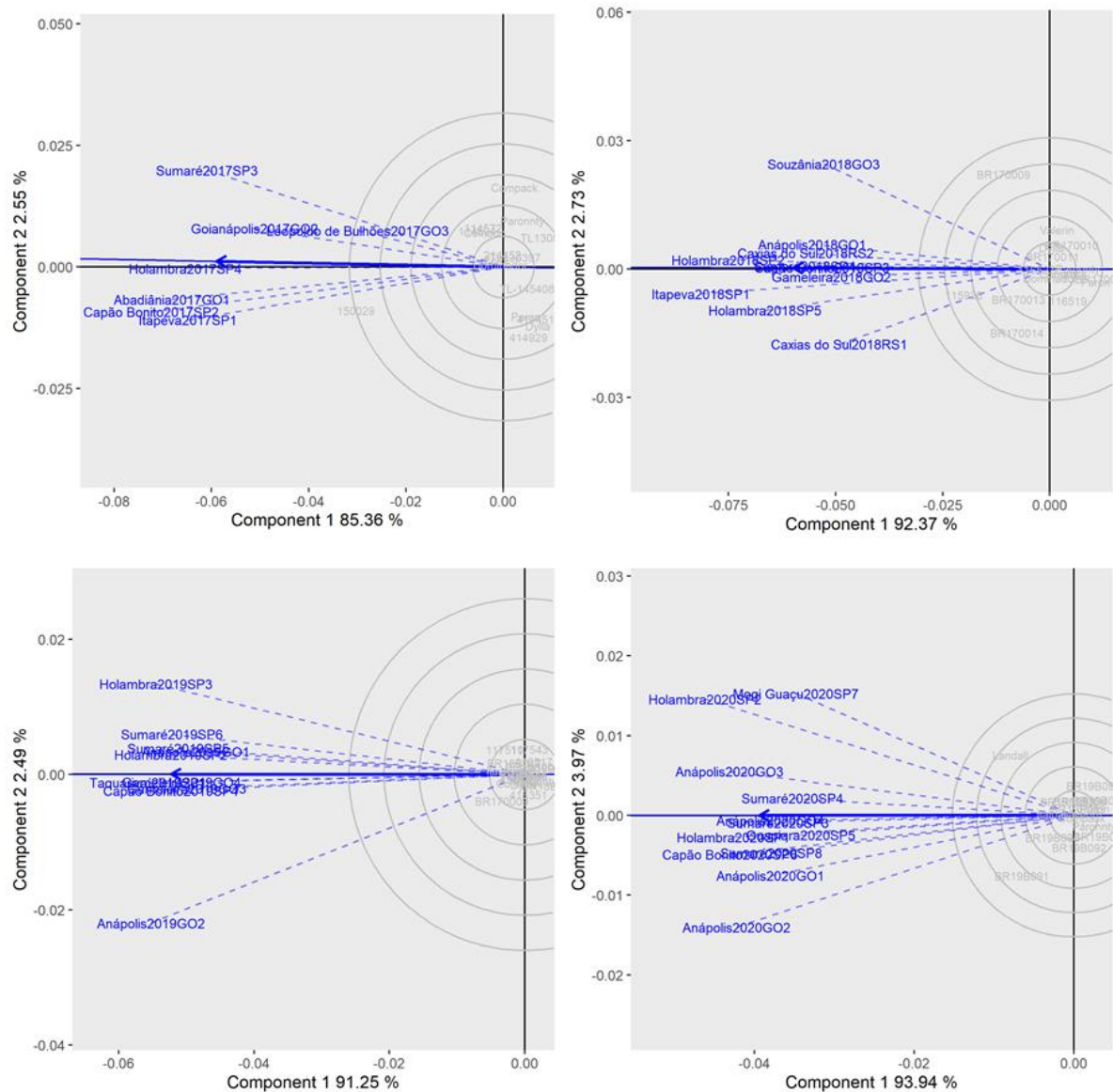


Fonte: do autor (2021).

Para o caráter massa média de frutos, em média 93% da variação de G+(GxE) foi explicada pelos dois primeiros componentes principais (Figura 6). Ocorreu uma alta correlação entre os ambientes durante os anos. Para esse caráter, em termos gerais Holambra se manteve como o ambiente mais representativo para todos os anos e esteve entre os mais discriminativos para os anos de 2019 e 2020 juntamente com Anápolis. Para os anos de 2017 e 2018, os ambientes mais discriminativos foram Capão Bonito e Itapeva. Analisando o ambiente de Holambra para os anos em que foram realizados dois experimentos (2018 a 2020), é possível observar novamente

que a época de cultivo influenciou na representatividade do ambiente. Akindele, Ogunniyan e Ajayi (2011) relataram a existência de interação genótipo x época de cultivo para vários caracteres como produtividade, número de frutos e massa média de fruto na cultura do tomateiro.

Figura 6 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa média de frutos de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.

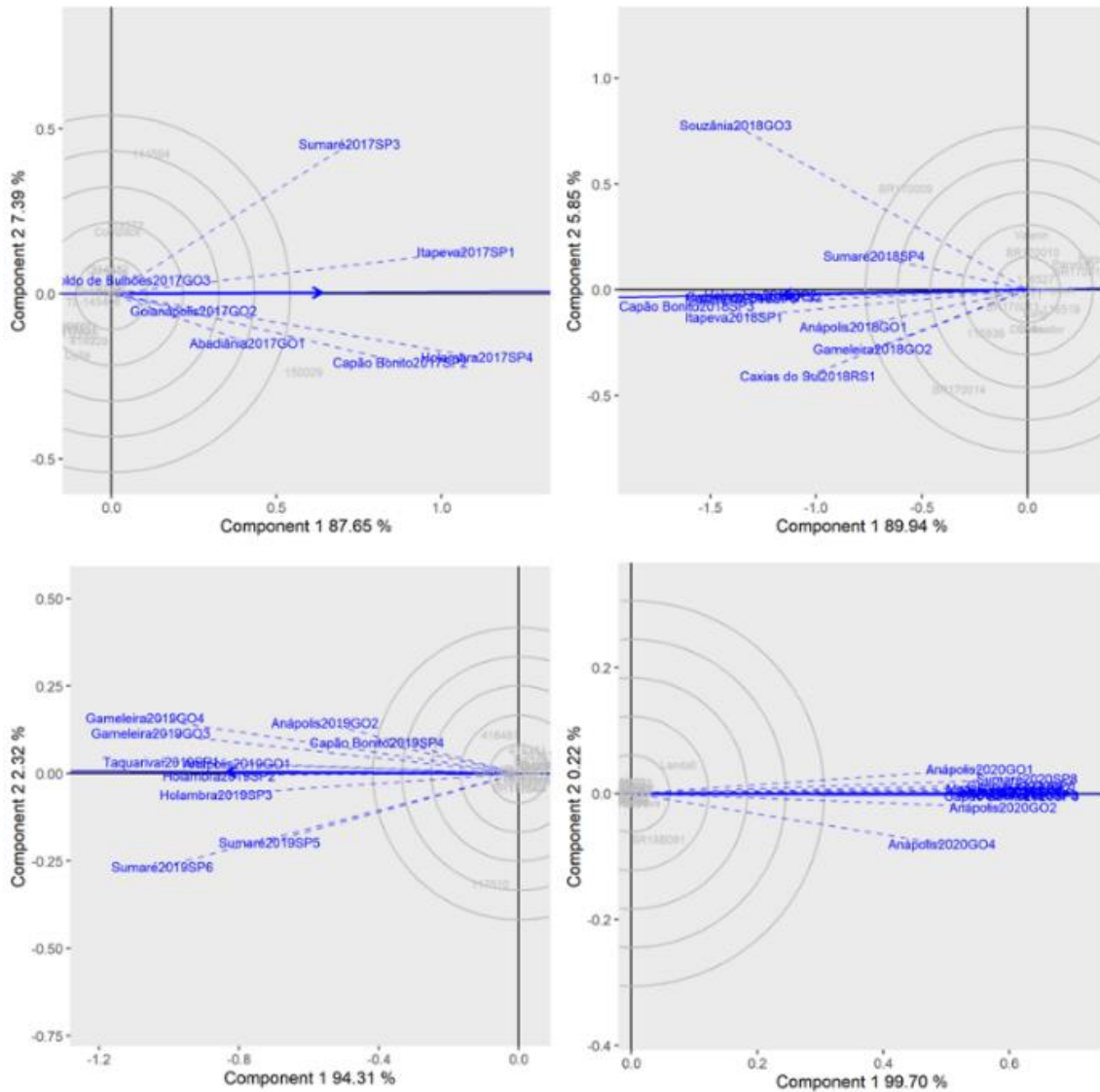


Fonte: do autor (2021).

Em média 96% e 94% da variação de $G+(G \times E)$ foi explicada pelos dois primeiros componentes principais para os caracteres frutos 3A e 1A respectivamente. (Figuras 7 e 8). O

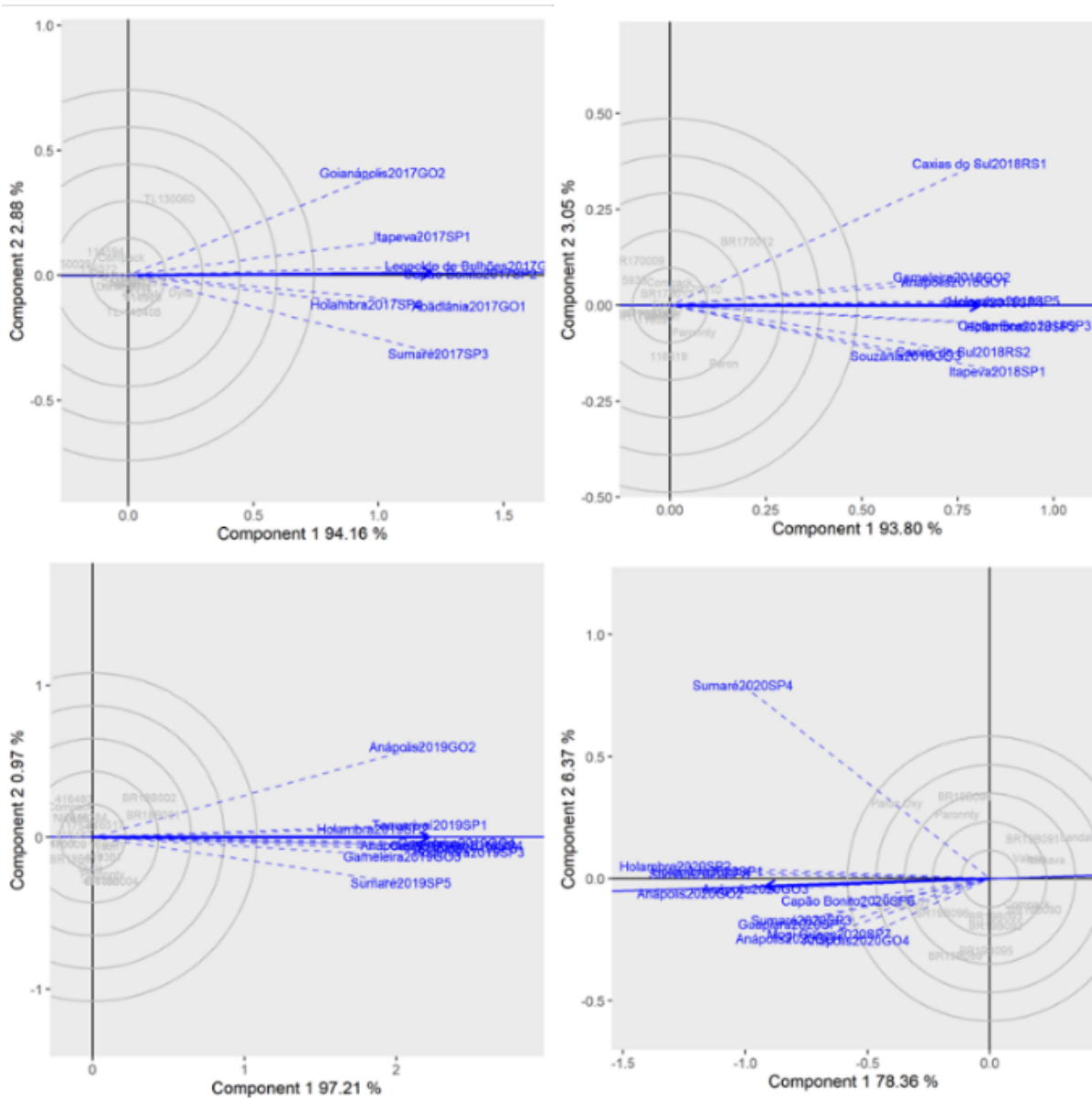
ambiente de Holambra se mostrou representativo para todos os anos, porém para essas características não fica evidente que a época de condução do experimento influenciou na representatividade do ambiente. Os ambientes mais discriminativos variaram de ano para ano.

Figura 7 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa de frutos 3A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.



Fonte: do autor (2021).

Figura 8 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa de frutos 1A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.

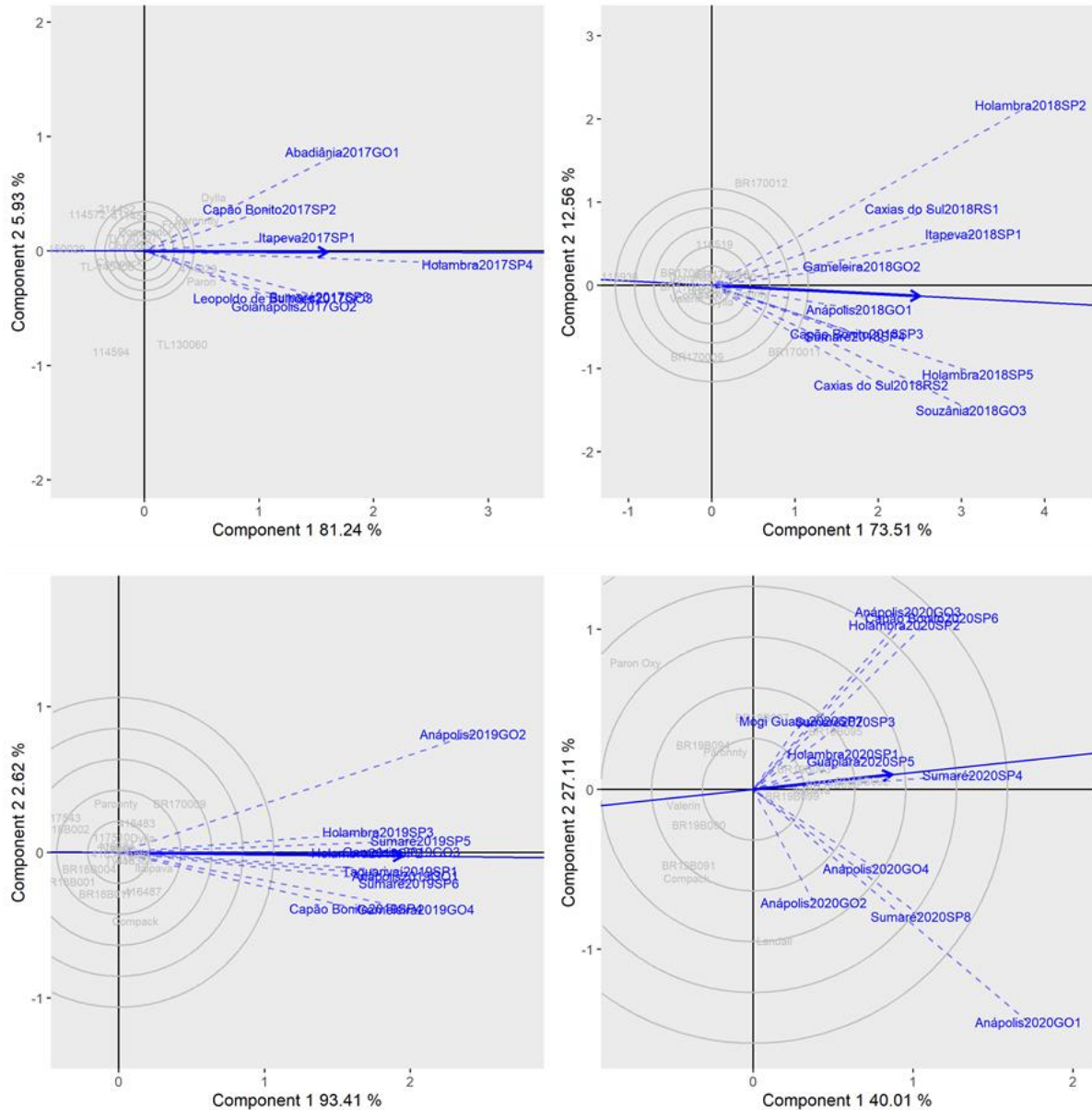


Fonte: do autor (2021).

Para o caráter frutos 2A, em média 84% da variação de $G+(G \times E)$ foi explicada pelos dois primeiros componentes principais (Figura 9). Esses dados retificam o que foi obtido na análise de correlação genética média entre ambientes, em que para o ano de 2020 foi obtido um alto valor para a interação híbrido \times ambiente e aqui é expresso pela predominância de ângulos maiores que 90° entre os vetores ambientais. Para os anos de 2017 e 2019, Holambra foi o ambiente mais representativo, porém isso não se repetiu para os outros anos e ainda analisando o ano de 2018 e 2020 pode-se observar que a época de semeadura influenciou na representatividade

do ambiente.

Figura 9 – Biplot da capacidade discriminativa e representatividade dos ambientes para o caráter massa de frutos 2A de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.



Fonte: do autor (2021).

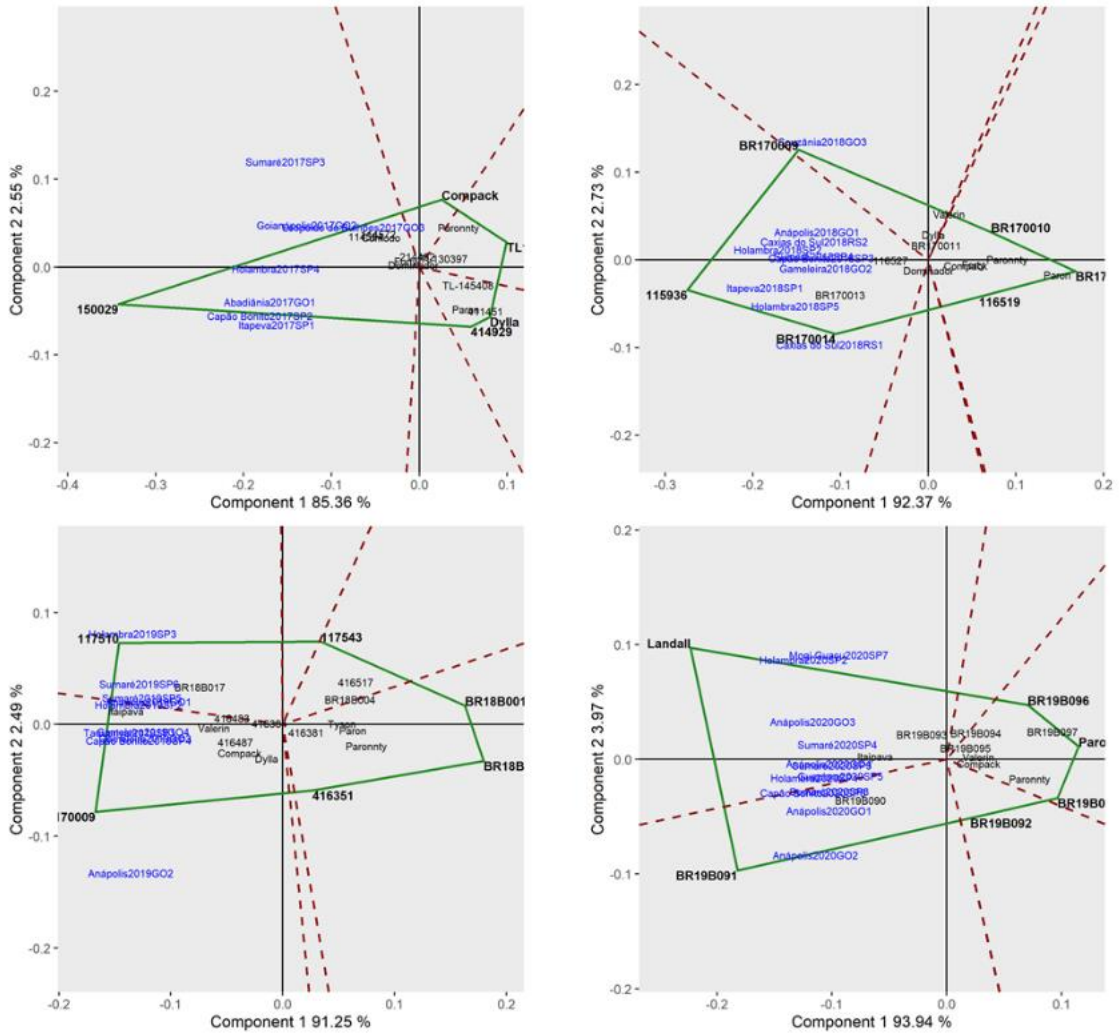
Em se tratando de ensaios multiambientais, há uma busca pela otimização de recursos dentro de um programa de melhoramento. Neste tocante, a análise GGE biplot permite além da caracterização dos ambientes em termos de discriminabilidade e representatividade, a possibilidade de identificar possíveis mega-ambientes (YAN; KANG, 2003). A formação de mega-ambientes ocorre quando há diferentes cultivares vencedoras em diferentes ambientes e

a variação entre os grupos é maior do que dentro do grupo (YAN; KANG, 2002), este tipo de estudo tem sido feito por vários pesquisadores para diversas culturas como arroz (BUITRAGO; INTIRE; MENDOZA, 2011), trigo (YAN et. al. 2000 e 2007), cana-de-açúcar (SANTOS, 2017), soja (ZDZIARSKI, 2018) entre outras.

No presente estudo, em 30% das situações ocorreu a formação de apenas um mega-ambiente, 65% a formação de dois mega-ambientes e em apenas 5% a formação de três mega-ambientes (Figuras 10- 14). Esses dados evidenciam que com o predomínio de interação do tipo simples, houve a formação de um menor número de mega-ambientes. Vale destacar ainda que houve indícios de que a época de semeio para uma mesma Macrorregião pode levar a formação de mega-ambientes diferentes (Figuras 10 a 14). Para o caráter 2A ocorreu uma maior variação, o que já era esperado, pois esse foi o caráter com menor correlação genética média entre os ambientes e o que mais sofreu influência da variância da interação (Figura 13).

Para ocorrer a formação dos mega-ambientes é importante que se tenha uma consistência durante os anos testados. Para o presente trabalho, não houve uma consistência de formação de mega-ambientes entre os anos, isso devido ao efeito da interação híbrido x ambiente x ano e devido a variação dos híbridos que foram avaliados durante os anos. Outra questão importante na definição de mega-ambientes está relacionada com a decisão de seleção de híbridos baseada em múltiplas características. No melhoramento de tomate, além da produtividade e outros componentes de produção, características associadas a resistência a fatores bióticos, abióticos e distúrbios fisiológicos tem elevada importância para fins seletivos e que podem ter influência na definição de ambientes-teste e ou mega-ambientes.

Figura 11 – Biplot e representação de polígono de formação de mega-ambientes para o caráter massa média de frutos de tomate em ensaios multiambientais conduzidos nos anos de 2017 a 2020.



Fonte: do autor (2021).

5 CONCLUSÃO

A interação híbridos x ambientes influenciou a expressão das características relacionadas à produção de frutos de tomate, porém o tipo de interação foi, em geral, predominantemente simples, com exceção do caráter produtividade nos anos de 2018 e 2020 e a massa de frutos 2A.

A acurácia de predição dos híbridos em ambientes não testados variou de acordo com a correlação genética média entre ambientes. Moderada acurácia de predição foi observada para: produtividade, para correlações superiores a 0,72; frutos 2A para correlações superiores a 0,70; massa média de frutos, frutos 3A e frutos 1A. Alta acurácia de predição foi observada para massa média de frutos para correlações superiores a 0,81.

Não houve uma consistência de formação de mega-ambientes durante os anos, porém há indícios de que para uma mesma megarregião a época de condução do experimento pode levar a formação de mega-ambientes. Em termos gerais, o ambiente de Holambra se mostrou representativo para todos os caracteres estudados.

REFERÊNCIAS

- ABRASEM. Associação Brasileira de Sementes e Mudanças. **Anuário 2014**. 2014.
- ALVARENGA, M. A. R. **Tomate: produção em campo, casa de vegetação e hidroponia**. 2013. 2 ed. Lavras: [s.n.].
- AL-AYSH, F. M.. **Genotype-environment interaction and phenotypic stability for fruit yield and its components of tomato in Dara'a Governorate, Syria**. Journal Of Agriculture And Environmental Management, Syria, v. 2, n. 11, p. 371-377, nov. 2013.
- AKINDELE, A. J.; OGUNNIYAN, D. J.; AJAYI, E. O. **Phenotypic Relationship among Agronomic Characters of Commercial Tomato (*Lycopersicon esculentum*) Hybrids**. American-Eurasian Journal of Agronomy, v.4 (1), p.17-22, 2011.
- AMAEFULA, C.; AGBO, C.U.; NWOPIA, G.E. **Hybrid vigour and genetic control of some quantitative traits of Tomato (*Solanum lycopersicum* L.)**. Open Journal of Genetics, v.4, p.30-39, 2014.
- BANZATO, D. A.; KRONKA, S. do N. Experimentação agrícola. 4.ed. Jaboticabal: Funep, 2006. 237p.
- BHALALA, K. C.; ACHARYA, R. R. **Stability analysis in tomato (*Solanum lycopersicum* L.)**. Journal Of Pharmacognosy And Phytochemistry, India, v. 8, n. 3, p. 4776-4784, abr. 2019.
- BORGES, V. *et al.* **Desempenho genotípico de linhagens de arroz de terras altas utilizando metodologia de modelos mistos**. Bragantia, Campinas, v. 69, n. 4, p. 833-841, 12 abr. 2010.
- BUITRAGO, I. C.; INTIRE, E. Q.; MENDOZA, R. G. **Identificación de mega-ambientes para potenciar el uso de genotipos superiores de arroz en Panamá**. Pesq. agropec. bras., Brasília, v.46, n.9, p.1061-1069, set. 2011.
- BURGUENÑO, J. *et al.* **Prediction Assessment of Linear Mixed Model for Multienvironment Trials**. Crop Science, v. 51, jun 2011.
- BUTLER, D. **ASreml: Fits the Linear Mixed Model**. R package version 4.1.0.130. 2020. www.vsni.co.uk
- CARVALHO, L. C. B. **Interpretação da interação Genótipos x Ambientes em feijão caupi usando modelos multivariados, mistos e covariáveis ambientais**. 2015. Tese (Doutorado), ESALQ, Piracicaba, 2015.
- CEPEA. Centro de Estudos Avançados em Economia Aplicada. Anuário 2018-2019. Ano 17. Nº 185 – 2019.
- COSTA NETO, G. M. F. *et al.* **A novel GIS-based tool to reveal spatial trends in reaction norm: upland rice case study**. Euphytica, v. 216, n. 37, p. 1-16, 2020.

CRUZ, E. A. et al. **Coefficiente de variação como medida de precisão em experimentos com tomate em ambiente protegido**. Enciclopédia biosfera, Centro Científico Conhecer - Goiânia, v.8, N.14; p. 220, 2012.

CULLIS, B.R.; SMITH, A.B.; COOMBES, N.E. **On the design of early generation variety trials with correlated data**. JABES, v.11, n.4, p 381-393, 2006.

DUMBLE, S. **GGEbiplots: GGE Biplots with 'ggplot2'. R package version 0.1.1**. <https://CRAN.R-project.org/package=GGEbiplots>, 2017.

FAO. Faostat - Statistics Database. Disponível em <<http://www.fao.org/faostat/en/>> . Acessado em 29/09/2021.

FIGUEIREDO, A. G. et al. **Application of mixed models for evaluating stability and adaptability of maize using unbalanced data**. Euphytica, 202:393–409, 2015.

FONTES, P.C.R. et al. **Produção e qualidade do tomate produzido em substrato, no campo e em ambiente protegido**. Horticultura Brasileira, Brasília, v.22, n.3, p. 614-619, jul-set 2004.

GARBUGLIO, D. D. et al. **Análise de fatores e regressão bissegmentada em estudos de estratificação ambiental e adaptabilidade em milho**. Pesq. Agropec. Bras., Brasília, v. 42, n. 2, p. 183-191, fev. 2007.

GHOSH, K. P. **Variability and Character Association in F2 Segregating Population of Different Commercial Hybrids of Tomato (*Solanum lycopersicum* L.)**. J. Appl. Sci. Environ. June, v.14, (2) p.91 – 95, 2010.

GUALBERTO, R.; BRAZ, L. T.; BANZATTO, D. A. **Produtividade, adaptabilidade e estabilidade fenotípica de cultivares de tomateiro sob diferentes condições de ambiente**. Pesq. Agropec. Bras., Brasília, v. 37, n. 1, p. 81-88, jan. 2002.

JARQUÍN, D. et al. **A reaction norm model for genomic selection using high-dimensional genomic and environmental data**. Theoretical and Applied Genetics, v. 127, n. 3, p. 595-607, Mar, 2014.

HESLOT, N. et al. **Integrating environmental covariates and crop modeling into the genomic selection framework to predict genotype by environment interactions**. Theor Appl Genet 127:463–480, 2014.

HOSSAIN, H.; RAHMAN, M. A.; HOSSAIN, M. **Genotype x environment response and stability assessment in tomato (*Lycopersicon esculentum* Mill.)**. Saarc Journal Of Agriculture, Dhaka, v. 4, n. 1, p. 22-30, dez. 2006.

HOSSAIN, M. F. et al. **Effect of different sowing dates on yield of tomato genotypes**. Int. J. Agril. Res. Innov. & Tech., v. 4, n. 1, p. 40-43, jun. 2014.

KELLY, A. M. et al. **The Accuracy of Varietal Selection Using Factor Analytic Models for Multi-Environment Plant Breeding Trials**. Crop Science, [s.l.], v. 47, n. 3, p. 1063-1070, maio 2007. Wiley. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci2006.08.0540>.

KHAN, B. A. **Genetic Analysis of F2 Population of Tomato for Studying Quantitative Traits in the cross between Coldera x KHT5**. International Journal of Plant Research, v.7, p.90-93, 2017.

KUTI, J. O; KONURU, H. B. **Effects of genotype and cultivation environment on lycopene content in red-ripe tomatoes**. Journal Of The Science Of Food And Agriculture, [s.l.], v. 85, n. 12, p. 2021-2026, 2005. Wiley. <http://dx.doi.org/10.1002/jsfa.2205>.

MARINHO, D. de V. **Parâmetros genéticos para caracteres agronômicos no cruzamento de cultivares de tomate cereja (*Solanum lycopersicum* var. *Cerasiforme*) tolerantes a requeima (*Phytophthora infestans*)**. 2018. Tese (Mestrado), UFRRJ, Seropedica, 2018.

MEDEIROS, P. R. F. et al. **Tolerância da cultura do tomate à salinidade do solo em ambiente protegido**. Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental, Campina Grande - PB, v.16, n.1, p.51–55, 2012.

NICK, C.; BORÉM, A. **Melhoramento de hortaliças**. 1ed.Viçosa. : Editora UFV. 2016.v. 1, p. 9-60.

NUVUNGA, J. J. et al. **Factor analysis using mixed models of multi-environment trials with different levels of unbalancing**. Genetics and Molecular Research 14 (4): 14262-14278, 2015.

OLIVEIRA, A. G. de. **Uso de modelos multiplicativos no estudo da interação Genótipos x Ambientes** Dissertação. 2015. 48 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, Rio Paranaíba, 2015.

PANTHEE, D. R. et al. **Genotype and environmental interaction for fruit quality traits in vintage tomato varieties**. Euphytica, [s.l.], v. 193, n. 2, p. 169-182, 24 abr. 2013. Springer Science and Business Media LLC. <http://dx.doi.org/10.1007/s10681-013-0895-1>.

PEREIRA, M. A. B. et al. **Adaptabilidade e estabilidade produtiva de genótipos de tomateiro em condições de temperatura elevada**. Revista Ciência Agronômica, Fortaleza, v. 43, n. 2, p. 330-337, abr. 2012.

PIEPHO, H. P. **Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor-analytic variance-covariance structures**. Theor Appl Genet 97:195–201, 1998.

RASHWAN, A. M. A. **Comparative study in fifteen genotypes of tomato for heat tolerance under Upper Egypt conditions**. J Am Sci 2016;12(6):68-76]. ISSN 1545-1003 (print); ISSN 2375-7264 (online). <http://www.jofamericanscience.org>. 9. doi:10.7537/marsjas12061609.

RESENDE, M. D. V. de; THOMPSON, R. **Factor analytic multiplicative mixed models in the analysis of multiple experiments**. Rev. Mat. Estat, São Paulo, v. 22, n. 2, p. 31-52, jul. 2004.

RESENDE, M. D. V. de; DUARTE, João B. **Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares**. Pesq Agropec Trop 37(3): 182-194, set. 2007.

RESENDE, R. T. et al. **Enviromics in breeding: applications and perspectives on envirotypic-assisted selection**. Theor Appl Genet 134, 95–112, 2021.

ROMAO, R. F. **Robustez na capacidade preditiva dos modelos ammi e fatoriais analiticos no estudo de dados multi-ambientais desbalanceados**. 2017. 69 f. Dissertação (Mestrado) - Curso de Estatística e Experimentação Agropecuária, Auniversidadefe- Deraldelavras, Lavras, 2017.

ROQUEJANI, M. S et. al. **Produtividade e qualidade de híbridos de tomate dos segmentos italiano e santa cruz em ambiente protegido**. In: FAPESP. Anais eletrônicos. Campinas: IAC. Disponível em: <http://www.iac.sp.gov.br/areadoinstituto/pibic/anais/2008/Artigos/RE0800020.pdf>. Acessado em 21 de julho de 2021.

SANTOS, E. G. **Uso de modelos mistos e gge biplot na seleção de mega-ambientes e de genótipos de cana-de-açúcar**. 2017. Tese (Doutorado), IAC, Campinas, 2017.

SCHWARZ, K. et al. **Desempenho agrônômico e qualidade físico-química de híbridos de tomateiro em cultivo rasteiro**. Horticultura Brasileira 31: 410-418, 2013.

SIMEÃO, R. M. et.al. **Avaliação genética em erva-mate pelo procedimento BLUP individual multivariado sob interação Genótipos x Ambientes**. Pesq. agropec. bras., Brasília, v. 37, n. 11, p. 1589-1596, nov. 2002.

SINGH, N. et. al. **Genetic variability, heritability and genetic advance in Tomato (*Solanum Lycopersicum L.*)**. Plant Archives, v.15, n.2, p.705-709, 2015.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; THOMPSON, R. **The analysis of crop cultivar breeding and evaluation trials: an overview of current mixed model approaches**. The Journal Of Agricultural Science, [s.l.], v. 143, n. 6, p. 449-462, 20 set. 2005. Cambridge University Press (CUP). <http://dx.doi.org/10.1017/s0021859605005587>.

SMITH, A. B.; CULLIS, B. R.; GILMOUR, A. **The analysis of crop variety evaluation data in Australia**. Aust N. Z. J Stat 43:129–145, 2001.

SPAGNUOLO, F. A. et al. **Melhoramento participativo do tomateiro sob manejo orgânico**. Hort. bras., v. 34, n. 2, abr. - jun. 2016.

TIWARI, A. K.; LAL, G. **Genotype – Environment Interaction and Stability Analysis in Tomato (*Solanum lycopersicum L.*)**. Indian Journal Of Hill Farming, India, v. 27, n. 2, p. 16-18, dez. 2014.

TREICHEL, M. et al. **Anuário brasileiro do tomate 2016**. Santa Cruz do Sul : Gazeta, 2016. 84 p.

YAN, W. et. al. **Cultivar Evaluation and Mega-Environment Investigation Based on the GGE Biplot**. Crop Science, v. 40, 2000.

YAN, W.; KANG, M.S. **GGE biplot analysis: a graphical tool for breeders, geneticists,**

and agronomists. Boca Raton: CRC, 2003.

YAN, W.; TINKER N.A. **Biplot analysis of multi-environment trial data: principles and applications.** Can. J. Plant. Sci. 86: 623-645, 2006.

YAN, W. et. al. **GGE Biplot vs. AMMI Analysis of Genotype-by-Environment Data.** Crop Science, v.47, 2007.

PRODUTO TÉCNICO ATRELADO

REPRESENTATIVIDADE E FORMAÇÃO DE MEGA-AMBIENTES EM LOCAIS DE ATUAÇÃO DO PROGRAMA DE MELHORAMENTO DE TOMATE

Paulo Henrique Crosara Pinto

José Airton Rodrigues Nunes

Gustavo Evangelista Oliveira

INTRODUÇÃO

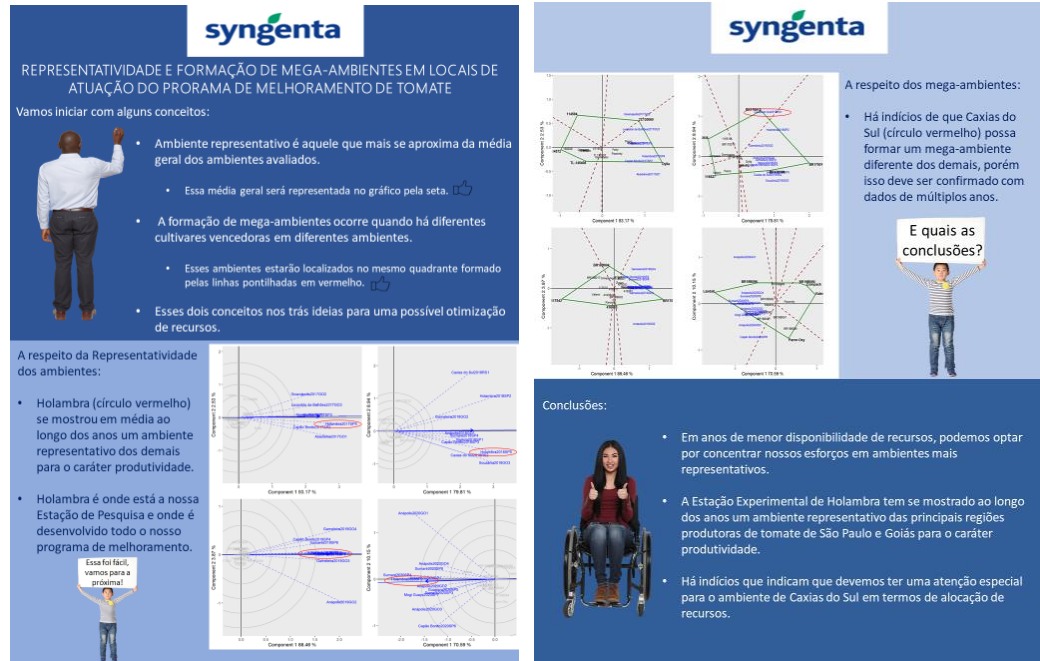
De acordo com dados da ABRASEM (2014) a cultura do tomate representa 26% do mercado de sementes de hortaliças, sendo ele o maior, seguido por cebola com 10%, pimentão e pimentas juntos com 10%, pepino e repolho com 7% cada. Esses dados demonstram o grande interesse que empresas possuem no mercado de sementes de tomate. Ainda de acordo com a Associação, existe no mundo cerca de 100 empresas e instituições trabalhando com o melhoramento de olerícolas. Os ensaios multiambientais dentro de um programa de melhoramento de tomate nas empresas são bastantes onerosos e como são instalados em regiões que apresentam maior importância para a cultura, o gasto com tempo é bastante elevado para os pesquisadores principalmente nos que se diz respeito a coleta de dados para o cálculo de produtividade. O estudo a respeito da formação de mega-ambientes, discriminabilidade e representatividade dos ambientes testados formam uma ferramenta para a otimização de recursos dentro de um programa de melhoramento, sendo esse a base do nosso objetivo. O tipo de produto técnico optado foi a criação de um folder técnico que será disponibilizado a toda a equipe de vegetais da Syngenta via e-mail.

DESENVOLVIMENTO

Para a realização desse estudo, utilizamos a base de dados dos experimentos realizados pela equipe de vegetais da Syngenta nos anos de 2017, 2018, 2019 e 2020, nas principais regiões produtoras de tomate nos estados de São Paulo, Goiás e Rio Grande do Sul. Foram realizadas análises individuais e análises multiambientais dos experimentos realizados, a análise dos locais avaliados foi feita por meio do estudo da representatividade, capacidade discriminativa e formação de mega-ambientes. Por fim, foi gerado um folder no programa Power Point e disponibilizado em formato de PDF via e-mail para a equipe de vegetais da Syngenta (Figura

1).

Figura 1 – Folder apresentado a equipe de vegetais da Syngenta.



CONSIDERAÇÕES FINAIS

Espera-se com esse folder técnico a abertura de discussões a respeito de uma melhor otimização de recursos dentro do programa de melhoramento, levando em consideração que no melhoramento de tomate, além da produtividade e outros componentes de produção, características associadas a resistência a fatores bióticos, abióticos e distúrbios fisiológicos tem elevada importância para fins seletivos e que podem ter influência na definição de ambientes-teste e ou mega-ambientes, porém fica como sugestão para anos em que se tenha a necessidade de redução de custos, opte-se pelos locais mais representativos.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

ABRASEM. Associação Brasileira de Sementes e Mudras. Anuário 2014. 2014.