

## **Seleção simultânea de caracteres de tomate cereja utilizando índice FAI-BLUP**

**Francisca Adaíla da Silva Oliveira\*<sup>1</sup>; Leandro Alves Macedo<sup>1</sup>; Denizard Allison Santos Bueno<sup>1</sup>; Ademir Martins Lima<sup>1</sup>; Wanderson Mateus Bispo da Silva<sup>1</sup>; Derly José Henriques da Silva<sup>1</sup>**

<sup>1</sup>UFV – Universidade Federal de Viçosa, CEP: 36570-900, Viçosa – MG, Brasil; francisca.oliveira@ufv.br; leandro.a.macedo@ufv.br; denizard.bueno@ufv.br; ademir.lima@ufv.br; wanderson.silva@ufv.br; derly@ufv.br

\* Apresentador do trabalho no 57º CBO

### **RESUMO**

Quando se busca a seleção de genótipos considerando múltiplas características, a utilização de modelos mistos e análises multivariadas são estratégias vantajosas. O procedimento BLUP (Melhor Predição Linear Não-Viesado) tem sido empregado para a predição de valores genéticos aditivos e genotípicos, propiciando uma seleção mais acurada. O índice FAI-BLUP (ideotype-design index) permite a condução da seleção de forma simultânea para diversas características. Com isso, o objetivo deste trabalho foi identificar genótipos de tomate com características superiores para potenciais lançamentos no mercado, priorizando plantas que apresentem maior Potencial Produtivo de Frutos (PPF). O experimento foi conduzido na Unidade Experimental de Pesquisa e Extensão – UEPE, Horta Velha, da Universidade Federal de Viçosa, Viçosa - MG. Foram avaliados 16 híbridos de tomate cereja e uma testemunha comercial (Mascot), com delineamento experimental de blocos casualizados e três repetições. Foram avaliadas as características firmeza do fruto (FF), sólidos solúveis totais (SST), massa média de fruto (MMF) e produtividade estimada (PE). O processamento foi realizado no programa R Studio<sup>®</sup>, utilizando o pacote *Metan*. A seleção dos genótipos resultou em um ganho de seleção de 1,11% para SST, 0,95% para PE e -8,54% para MMF, ganhos satisfatórios para o sentido disposto para a seleção destes. Entretanto, houve um ganho de -3,22% para FF, algo indesejável. Com base nesses índices, foi possível identificar 4 genótipos superiores, sendo eles, em ordem decrescente, HIB\_05, HIB\_16, HIB\_09 e HIB\_11.

**PALAVRAS-CHAVE:** *Solanum lycopersicum*, modelos mistos, ganho de seleção.

### **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Federal de Viçosa. Ao laboratório de Manejo de Recursos Genéticos e Melhoramento de Hortaliças e a UEPE – Horta Velha. Aos órgãos de fomento, Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior – Brasil (CAPES), Fundação de Apoio e Amparo à Pesquisa do Estado de Minas Gerais (FAPEMIG) e ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq).