

VARIABILIDADE INTRAESPECÍFICA PARA CARACTERES
MORFOLÓGICOS, AGRONÔMICOS E MOLECULARES ENTRE
ACESSOS DE *Capsicum chinense* L.

PAOLA ALVARES BIANCHI

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE
DARCY RIBEIRO - UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2017

VARIABILIDADE INTRAESPECÍFICA PARA CARACTERES
MORFOLÓGICOS, AGRONÔMICOS E MOLECULARES ENTRE
ACESSOS DE *Capsicum chinense* L.

PAOLA ALVARES BIANCHI

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Orientadora: Prof^a. Rosana Rodrigues

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
MARÇO – 2017

FICHA CATALOGRÁFICA

Preparada pela Biblioteca do CCH / UENF

046/2017

B577 Bianchi, Paola Alvares.

Variabilidade intraespecífica para caracteres morfológicos, agronômicos e moleculares entre acessos de *Capsicum chinense* L. / Paola Alvares Bianchi. – Campos dos Goytacazes, RJ, 2017.

80 f. : il.

Bibliografia: f. 67 - 80.

Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2017.

Orientadora: Rosana Rodrigues.

1. Pimenta. 2. Caracterização Morfoagronômica. 3. Marcadores Moleculares. 4. Banco de Germoplasma. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD – 635.643

VARIABILIDADE INTRAESPECÍFICA PARA CARACTERES
MORFOLÓGICOS, AGRONÔMICOS E MOLECULARES ENTRE
ACESSOS DE *Capsicum chinense*

PAOLA ALVARES BIANCHI

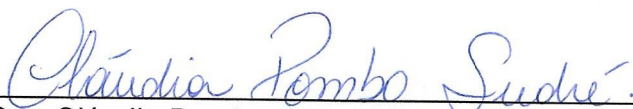
“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Genética e Melhoramento de Plantas”

Aprovada em 24 de março de 2017.

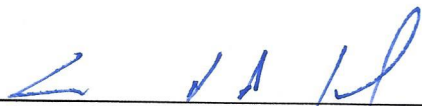
Comissão Examinadora:



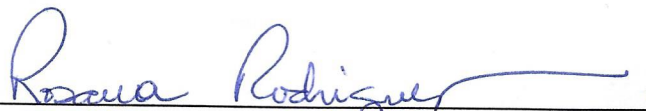
Prof. Telma Nair Santana Pereira (Ph.D., Melhoramento de Plantas) - UENF



Dra. Cláudia Pombo Sudré (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UENF



Prof. Leandro Simões Azeredo Gonçalves (D.Sc., Genética e Melhoramento de Plantas) - UEL



Prof. Rosana Rodrigues (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF
(Orientadora)

DEDICATÓRIA

Aos meus pais, Rinaldo e Jany, com todo meu amor, carinho e gratidão.

A Kamilla e a Alexia, pelo amor sincero e pela alegria diária.

Aos meus familiares, pelo incentivo e pelo amor.

A todos os meus amigos, que dividem comigo as alegrias e as dificuldades.

DEDICO

“É como está escrito: coisas que os olhos não viram, nem os ouvidos ouviram, nem o coração humano imaginou, tais são os bens que Deus tem preparado para aqueles que o amam”

(1 COR 2, 9)

AGRADECIMENTOS

A Deus e a Nossa Senhora, por serem meus alicerces, minha fortaleza e por sempre me concederem sabedoria e coragem para seguir em frente.

À Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro e ao curso de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento de Plantas, pela oportunidade da realização deste curso.

Aos órgãos de fomento CAPES, Faperj e CNPq, pelo financiamento da pesquisa e, em especial, à CAPES, pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus pais, Rinaldo e Jany, meus maiores exemplos. Obrigada por cada palavra de incentivo, pela presença constante, pelas orações, por acreditarem em mim e por nunca permitirem que eu desista.

A Kamilla e a Alexia, pelos sorrisos sinceros, pelo amor gratuito e pelo incentivo diário, mesmo sem entender o porquê de a Dindinha não estar presente todos os dias.

À minha família, por todo apoio e amor.

À Professora Rosana Rodrigues, pela orientação, pela confiança, pela paciência e pelo apoio.

À Cláudia e à Cíntia, pela amizade, pela paciência, pelo amor e pelo carinho. Sempre prontas a nos ajudar e a nos aconselhar.

Ao Dr. Samy Pimenta e ao Dr. Pedro Diniz, por todos os ensinamentos e auxílio nos programas estatísticos.

Aos Resistentes, Lígia, André, Thâmara, Jefferson, Maria, Elisângela, Gaspar, Ingrid e Lídia, pela companhia, pelo auxílio nos trabalhos, pelas conversas, pelas risadas e por todo apoio.

Aos professores do curso de Pós-Graduação, pela oportunidade de aprendizagem, pela confiança e pelo incentivo, essenciais para meu crescimento profissional. Agradeço, especialmente, às minhas conselheiras, doutora Cláudia Pombo Sudré e professora Telma Nair Santana Pereira, pelas contribuições ao longo dos trabalhos.

Ao Professor Leandro Simões Azeredo Gonçalves, pela disponibilidade de participação na banca e pelas contribuições.

Às minhas amigas, Dani, Tainã, Josi, Marina e Letícia, por todo amor, pela paciência e pelo apoio nos momentos de tensão. Obrigada pelas risadas, pelos conselhos e por compartilharem minha felicidade.

Aos amigos feitos ao longo do curso, em especial Lígia, Samuel, Valter, Larissa, Thábata e Kátia, pelas horas de estudo, pelas conversas, pelas boas risadas e pela companhia diária.

À Dr^a. Marcela Boechat, pela paciência, pelo carinho, pela dedicação e pelo auxílio nas análises moleculares.

Aos funcionários da UAP/UENF, pelo auxílio ao longo do experimento.

Ao Secretário do Programa, José Daniel, pela paciência, pela alegria e pela generosidade para conosco.

A todos que, de alguma forma, ajudaram-me até aqui.

Muito obrigada!

SUMÁRIO

RESUMO	vii
ABSTRACT	ix
1. INTRODUÇÃO	1
2. OBJETIVOS	4
2.1. Objetivo Geral	4
2.2. Objetivos Específicos.....	4
3. REVISÃO DE LITERATURA	5
3.1. Origem e dispersão geográfica do gênero <i>Capsicum</i>	5
3.2. Aspectos botânicos e reprodutivos de <i>Capsicum</i>	6
3.3. Importância econômica e nutricional.....	8
3.4. Caracterização morfológica	10
3.5. Uso de Marcadores Moleculares	11
4. MATERIAL E MÉTODOS	14
4.1. Descrição do germoplasma	14
4.2. Condições de cultivo e delineamento experimental	15
4.3. Caracterização morfológica	16
4.4. Análise estatística dos dados morfoagronômicos	20
4.4.1. Variáveis qualitativas	20
4.4.2. Variáveis quantitativas.....	20
4.4.3. Análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas.....	20
4.5. Caracterização molecular	21

4.5.1. Material vegetal	21
4.5.2. Extração do DNA	21
4.5.3. Condições de amplificação para ISSR	22
4.5.4. Condições de amplificação para microssatélites	24
4.6. Análise estatística dos dados moleculares	27
4.6.1. Marcadores ISSR	27
4.6.2. Marcadores microssatélites	27
4.6.3. Análise conjunta dos marcadores ISSR e microssatélite.....	29
4.7. Análise conjunta das variáveis morfoagronômicas e moleculares	29
5. RESULTADOS E DISCUSSÃO	30
5.1. Características morfoagronômicas	30
5.1.1 Características qualitativas.....	30
5.1.2. Características quantitativas.....	39
5.1.3. Análise conjunta das variáveis morfoagronômicas	49
5.2. Análise dos dados moleculares	53
5.2.1. Marcadores ISSR	53
5.2.2. Marcadores microssatélites	57
5.2.3. Análise conjunta dos marcadores ISSR e microssatélite.....	62
5.3. Análise conjunta das variáveis morfoagronômicas e moleculares.....	64
6. CONCLUSÕES	66
REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	67

RESUMO

BIANCHI, Paola Alvares; M.Sc; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março de 2017; VARIABILIDADE INTRAESPECÍFICA PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS, AGRONÔMICOS E MOLECULARES ENTRE ACESSOS DE *Capsicum chinense* L. Orientadora: Profa. Rosana Rodrigues; Conselheiras: Profa. Telma Nair Santana Pereira e Dra. Cláudia Pombo Sudré.

O Brasil é um dos centros de diversidade do gênero *Capsicum*, abrigando espécies domesticadas, semidomesticadas e silvestres. A espécie *C. chinense* destaca-se pela ampla variabilidade morfológica, presente em suas formas, tamanhos e cores dos frutos, que são, em sua maioria, pungentes e aromáticos. Objetivou-se, com este trabalho, caracterizar e estimar a diversidade genética entre 55 acessos de *Capsicum chinense* da coleção de germoplasma da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro - UENF. Para tanto, foram utilizados 37 descritores morfoagronômicos, 18 iniciadores *Inter Simple Sequence Repeats* (ISSR) e 17 pares de *Simple Sequence Repeat* (SSR). As variáveis qualitativas foram submetidas à análise descritiva por meio da moda e os descritores quantitativos submetidos ao teste de normalidade pelo método de Lilliefors e, em seguida, realizaram-se as análises de variância, agrupamento de médias pelo critério de Scott-Knott, estimativa dos coeficientes de correlação fenotípica e a importância relativa dos caracteres quantitativos para a divergência genética. Foi obtida a matriz de distância, com base na Distância de Gower, relativa às 37 variáveis morfoagronômicas e o agrupamento pelo método Ward - *Modified Location Model* (MLM). Para obtenção da matriz de dissimilaridade

genética, com base nos locos ISSR, foi utilizado o complemento aritmético do Índice de Jaccard e para os locos microssatélite, o índice de Smouse e Peakall. Foi realizada análise de agrupamento baseada em modelo bayesiano para determinar o número ótimo de *clusters* genéticos, utilizando-se o *software* Structure para ambos os marcadores moleculares. Foi obtido um agrupamento conjunto para os marcadores ISSR e SSR pelo método de Ward-MLM e um agrupamento comparativo entre os dendrogramas das variáveis morfoagronômicas e moleculares. Foi observada uma ampla variabilidade entre os acessos estudados, sendo os caracteres cor do fruto maduro e formato do fruto aqueles com maior número de classes observadas. As características quantitativas diâmetro do fruto e dias para germinação foram as que mais contribuíram para a divergência dos acessos, sendo evidenciados, também, plantas com diferentes portes e hábitos de crescimento, que são importantes para o planejamento do cultivo de pimentas. Com base nos descritores morfoagronômicos, foi possível a obtenção de seis grupos distintos, não havendo correlação entre a procedência dos acessos e a formação dos grupos. A análise bayesiana permitiu a distinção de dois *clusters*, tanto para ISSR quanto para SSR e a análise conjunta dos mesmos formou seis grupos. Ambos os agrupamentos não foram correlacionados com a procedência, possivelmente, devido ao intenso intercâmbio de pimentas entre produtores, consumidores e comerciantes. A análise conjunta das variáveis morfoagronômicas e moleculares apresentou uma taxa de emaranhamento de 0,58, evidenciando a divergência dos acessos entre os grupos de ambos os dendrogramas. Isso pode ter ocorrido porque os marcadores moleculares não são específicos para determinadas características fenotípicas, amplificando sequências conservadas do genoma das pimentas. Não houve duplicata, e as três análises realizadas com base em descritores morfoagronômicos e/ou moleculares demonstraram adequabilidade na discriminação dos acessos, apesar do arranjo dos acessos diferenciarem entre as análises, demonstrando a complementação das informações e a importância de todas as análises no estudo de divergência genética.

ABSTRACT

BIANCHI, Paola Alvares; M.Sc; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro; Março de 2017; VARIABILIDADE INTRAESPECÍFICA PARA CARACTERES MORFOLÓGICOS, AGRONÔMICOS E MOLECULARES ENTRE ACESSOS DE *Capsicum chinense* L. Orientadora: Prof^a. Rosana Rodrigues; Conselheiras: Prof^a. Telma Nair Santana Pereira e Dr^a. Cláudia Pombo Sudré.

Brazil is one of the diversity centers for the genus *Capsicum*, including domesticated, semidomesticadas and wild species. *C. chinense* stands out for the wide morphological variability, present in its fruits shape, size and color, which are, in most cases, pungent and aromatic. This work aims to characterize and estimate the genetic diversity among 55 accessions of *C. chinense* from the germplasm collection of the Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro – UENF. We used 37 morphoagronomic descriptors, 18 Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) and 17 Simple Sequence Repeat (SSR) pairs. The qualitative variables were submitted to descriptive analysis, utilizing the mode, and the quantitative descriptors were submitted to the normality test, using the Lilliefors method, followed by analysis of variance, grouping of means by the Scott-Knott criterion, estimation of the coefficients of phenotypic correlation and the relative importance of quantitative traits for genetic divergence. The distance matrix, based on the Gower Distance, was obtained for the 37 morphoagronomic variables and the grouping by the Ward method - Modified Location Model (MLM). To obtain the genetic dissimilarity matrix, based on the ISSR loci, the arithmetic complement of the Jaccard Index was used, and for the microsatellite loci, the Smouse and

Peakall were used. Bayesian modeling was performed to determine the optimum number of genetic clusters using the software *Structure* for both molecular markers. Clusters with ISSR and SSR markers were obtained by the Ward-MLM method, as well as comparative grouping between the dendrograms of the morphoagronomic and molecular variables. It was observed a wide variability among the accesses utilized in this study. The characters, such as, color of the mature fruit and fruit shape displayed the highest number of classes observed. The quantitative characteristics, such as, fruit diameter and days for germination were the ones that contributed the most for divergence among accesses, being also evidenced by the plants with different sizes and growth habits, which are important for pepper cultivation planning. Based on the morphoagronomic descriptors, it was possible to obtain six distinct groups, with no correlation between the origin of the accessions and the formation of the groups. Bayesian analysis allowed to distinguish two clusters, for ISSR and SSR, and based on the joint analysis, six clusters were formed. No clusters had correlation with origin, possibly due to the intense exchange of peppers among producers, consumers and traders. The joint analysis of the morphoagronomic and molecular variables presented an entanglement rate of 0.58, evidencing the divergence of the accesses between the groups of both dendrograms. This may have occurred because the molecular markers are not specific for certain phenotypic characteristics, amplifying conserved sequences of the genome of the peppers. There was no duplicate and three analysis based on morphoagronomic and/or molecular descriptors showed adequacy in the access discrimination, besides, the arrangement of the accesses differentiate between the analysis, demonstrating the completeness of the information and the importance of all the analysis for genetics divergence studies.

1. INTRODUÇÃO

O gênero *Capsicum* compreende as pimentas e os pimentões. Possuem grande importância nutricional e econômica, além de ambos serem amplamente cultivados em todo o mundo (Hill et al., 2013). Essas espécies ocupam uma significativa posição no mercado brasileiro de hortaliças, destacando-se entre as dez de maior consumo, tanto em valor, quanto em volume comercializado (Cezar et al., 2009). Em âmbito nacional, o gênero *Capsicum* possui importância econômica, biológica e cultural, o que se caracteriza pelos múltiplos usos do fruto na culinária das diversas regiões brasileiras (Sudré et al., 2010).

O gênero *Capsicum* possui 38 espécies, incluindo as novas espécies recentemente descritas, como a *C. caatingae*, *C. longidentatum* e *C. eshbaughii* (Barboza et al., 2011). Dentre as espécies desse gênero, cinco são cultivadas, a citar: *C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. baccatum*, e *C. pubescens*, as quais apresentam importância econômica como alimento e especiaria (Moscone et al., 2007). O Brasil é um dos centros de diversidade secundário do gênero, abrigando espécies domesticadas, semidomesticadas e silvestres. Esses autores afirmam, também, que as espécies desse gênero possuem grande variabilidade quanto aos seus principais caracteres morfológicos, como formato, tamanho, cor e posição de flores e frutos. As plantas de pimenta são, preferencialmente, autógamas, diploides, com $2n=2x=24$ ou $2n=2x=26$ cromossomos.

O cultivo dessa hortaliça está difundido em todas as regiões do Brasil, sendo que as principais áreas de cultivo são as regiões Sudeste e Centro-Oeste

(Costa et al., 2010). São importantes tanto pelas características de rentabilidade, principalmente quando o produtor agrega valor ao produto, quanto pela importância social (Rufino e Penteado, 2006).

Os frutos podem ser consumidos *in natura*, processados ou como matéria-prima na composição de medicamentos e cosméticos (Cheema e Pant, 2011). Podem, ainda, ser pungentes ou não, dependendo da existência de alcaloides conhecidos como capsaicinoides, entre os quais o componente mais importante é a capsaicina (López et al., 2012). Pesquisas indicam que a capsaicina tem propriedade anti-inflamatória, antioxidante e tem capacidade de promover a liberação de endorfina, responsável pela sensação de bem-estar e pela variação do humor (Chhabra et al., 2012; Zimmer et al., 2012).

Segundo Valois et al., (2001), a caracterização pode ser morfológica, reprodutiva, bioquímica, citogenética ou molecular. Essa atividade envolve, normalmente, os caracteres controlados por poucos genes, de caráter altamente herdável, estável e qualitativo. Nesse contexto, os estudos com descritores morfológicos fazem contribuições significativas para compreensão da diversidade genética. Com o uso destes, pode-se gerar uma grande quantidade de informações fenotípicas, que permitem o agrupamento de genótipos e o planejamento de cruzamentos de forma eficiente (Spooner et al., 2005).

Na avaliação da diversidade genética, destacam-se, também, os marcadores moleculares, pois, quando comparados com outros tipos de marcadores, apresentam maior número de locos polimórficos, permitindo a distinção entre acessos, mesmo com morfologia similar (Borém e Caixeta, 2009). Algumas complicações, como o efeito ambiental, tempo necessário para avaliações, herança poligênica, entre outras podem ser evitadas pelo uso da análise direta do genótipo por meio de marcadores moleculares de DNA (Carvalho e Bianchetti, 2004).

A Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro vem desenvolvendo atividades de conservação, avaliação e caracterização de germoplasmas de *Capsicum* L. Sua coleção contempla cerca de 400 acessos desse gênero, incluindo as espécies *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens*, oriundos de diversas regiões do Brasil, Peru, Argentina, México, Estados Unidos e Japão. O programa de melhoramento dessa Instituição vem desenvolvendo pesquisas com diferentes vertentes, tais quais: identificação

de fontes de resistência a doenças, proteção e registro de cultivares, mapeamento genético e, principalmente, caracterização e avaliação de genótipos do gênero (Sudré et al., 2005; Bento et al., 2007; Leite, 2014; Moulin et al., 2015; Pimenta et al., 2016).

2. OBJETIVOS

2.1. Objetivo Geral

Caracterizar e estimar a diversidade genética entre 55 acessos de *C. chinense* da coleção de germoplasma do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

2.2. Objetivos Específicos

- i) Caracterizar 55 acessos de *C. chinense*, utilizando-se descritores morfoagronômicos;
- ii) Caracterizar, molecularmente, 55 acessos de *C. chinense* com marcadores ISSR e microssatélites;
- iii) Identificar possíveis duplicatas entre os acessos da coleção de germoplasma de *C. chinense* da UENF.

3. REVISÃO DE LITERATURA

3.1. Origem e dispersão geográfica do gênero *Capsicum*

O gênero *Capsicum*, pertencente à família Solanaceae, tem como origem a região tropical da América, abrangendo diversos países da América do Norte, Central e Latina (Nuez et al., 1996). Esse gênero é conhecido desde o início da civilização e, possivelmente, evoluiu a partir de uma forma ancestral em áreas da Bolívia e do Peru, estando presente na dieta humana desde 7500 anos a.C. (MacNeish, 1964; Basu e De, 2003). As espécies de *Capsicum* têm como centros de diversidade secundários as regiões sul dos EUA e México até oeste da América do Sul; nordeste do Brasil à costa venezuelana; costa Oeste Brasileira e centro da Bolívia e Paraguai até o norte e o centro da Argentina (Moscone et al., 2007).

As antigas civilizações usavam os frutos para melhorar as características visuais e de sabor dos alimentos, selecionando variedades para usos característicos como, por exemplo, preservar os alimentos de contaminação por bactérias e fungos patogênicos (Reifschneider, 2000). Foram encontrados microfósseis dos frutos em uma caverna no Vale de Tehuacán, no México, tornando-se a evidência mais remota da domesticação das pimentas (Walsh e Hoot, 2001; Perry et al., 2007).

As pimentas foram introduzidas na Europa, na África e na Ásia com a chegada dos navegadores portugueses e espanhóis nas Américas. Suas embarcações foram fundamentais para a dispersão das pimentas pelo mundo

(Andrews, 1984). Em meados do século XVI, as espécies *C. frutescens* e *C. chinense* eram encontradas na Europa e na África e, no século XVII, já estavam presentes na Oceania, revelando a rápida aceitação das pimentas na dieta dos povos europeus e seus vizinhos asiáticos e africanos (Casali e Couto, 1984; Nuez et al., 1996).

Possivelmente, outra forma de dispersão das pimentas foi por meio de pássaros que consumiam seus frutos e espalhavam as sementes em outras áreas (Tewksbury e Nabhan, 2001). Alguns centros secundários de diversidade da espécie se encontram no sudeste e no centro da Europa, na África, na Ásia e em partes da América Latina (Carvalho e Bianchetti, 2008).

O Brasil é o centro secundário de diversidade da espécie *C. chinense*, que possui sua ampla diversidade na região da Bacia Amazônica. As espécies semidomesticadas e silvestres se encontram na região andina e na região litorânea brasileira. A maior quantidade de espécies silvestres está no Brasil, sobretudo na Região Sudeste e nas regiões de Mata Atlântica, principal centro de diversidade dessas plantas (Reifschneider, 2000).

3.2. Aspectos botânicos e reprodutivos de *Capsicum*

Pimentas do gênero *Capsicum* fazem parte do reino Plantae, divisão Spermatophyta, filo Angiospermae, da ordem Solanales e família Solanaceae (Moreira, et al., 2006). As espécies desse gênero são classificadas de acordo com o nível de domesticação; dessa forma, o gênero é composto por 38 espécies, incluindo novas espécies descritas, como a *C. caatingae*, *C. longidentatum* e *C. eshbaughii* (Barboza et al., 2011), sendo cinco domesticadas, *C. annuum*, *C. baccatum* var. *pendulum*, *C. chinense*, *C. frutescens* e *C. pubescens*. As espécies podem ser separadas, conforme o número básico de cromossomos, em dois grupos: um com $n=x=12$, englobando espécies cultivadas e algumas silvestres e outro com $n=x=13$ cromossomos, que abriga espécies silvestres (Moscone et al., 2007).

Em *Capsicum*, as espécies são agrupadas em três complexos gênicos, com base na sua cruzabilidade e obtenção de híbridos férteis. O complexo *C. annuum* reúne as espécies *C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. chacoense* e *C. galapagoense*; o complexo *C. baccatum* reúne *C. baccatum* var. *baccatum*,

C. baccatum var. *pendulum* e *C. praetermissum* e o complexo *C. pubescens* reúne espécies silvestres e apenas uma cultivada, *C. pubescens* (Pickersgill, 1991).

As espécies desse gênero são, preferencialmente, autógamas, ou seja, os gametas fecundados pertencem a uma mesma flor, porém a polinização cruzada também pode ocorrer com taxas que variam de 2 a 90% e pode ser facilitada por alterações morfológicas na flor, pela ação de insetos polinizadores, por práticas de cultivo, dentre outros fatores (Carvalho e Bianchetti, 2007). Nas espécies domesticadas, o estigma se encontra no mesmo nível das anteras, aumentando a possibilidade de autopolinização, enquanto que, nas espécies silvestres, o estigma está acima das anteras, facilitando a fecundação cruzada (Casali e Couto, 1984).

As espécies do gênero *Capsicum* podem ser anuais, bianuais e perenes (Bosland, 1996). Os arbustos perenes são a forma de crescimento predominante, embora espécies como *C. annum*, *C. chinense* e *C. frutescens* apresentem crescimento herbáceo bianual. Elas possuem sistema radicular pivotante, com um número elevado de ramificações laterais e profundidades que variam entre 70 e 120 cm. A variabilidade foliar se dá em termos de coloração, formato, pilosidade e tamanho, enquanto o formato pode ser ovalado, lanceolado ou deltoide, apresentando coloração verde, ou, também, observadas folhas variegadas e violetas (Carvalho e Bianchetti, 2007).

As flores são hermafroditas, sendo o órgão essencial para taxonomia das espécies do gênero *Capsicum*, que possui três grupos de acordo com a cor de sua corola. *C. baccatum* possui corola branca com manchas e anteras amarelas, e *C. pubescens* corola e anteras púrpuras ou violeta. Já *C. annum*, *C. frutescens* e *C. chinense* possuem corola que varia entre a cor branca, amarelo esverdeado e lilás com anteras púrpuras a violeta, com algumas espécies apresentando manchas na corola, esta última diferenciando-se, taxonomicamente, pelo número de flores por nó e a constrição anular do cálice (Guerra, 2001).

De acordo com Carvalho e Bianchetti (2007), o fruto é uma baga de estrutura oca e com sua forma lembrando uma cápsula. Eles apresentam uma grande variabilidade morfológica, destacada pela diversidade de formas, tamanhos, colorações e pungências. Os frutos maduros possuem, em sua maioria, coloração vermelha, mas também podem variar desde o amarelo-leitoso,

amarelo-forte, alaranjado, salmão, vermelho, roxo e até preto. O formato varia entre e dentro das espécies, com frutos alongados, arredondados, triangulares ou cônicos, campanulados, quadrados ou retangulares.

A espécie *C. chinense* se destaca pela ampla variabilidade morfológica, presente em suas formas, tamanhos e cores dos frutos, que são, em sua maioria, pungentes e aromáticos. Os tipos de pimenta mais conhecidos dessa espécie são habanero, pimenta-de-cheiro, murupi, biquinho, pimenta-de-bode e cumari-do-Pará (Ribeiro et al., 2008). Seus frutos são, geralmente, pendentes, persistentes, com polpa firme, apresentam constrição anelar na junção com o pedicelo e possuem coloração que varia entre tons amarelo leitoso, amarelo-claro, amarelo-forte, alaranjado, salmão, vermelho e preto. As flores se apresentam em número de duas a cinco por nó, e sua corola é branca esverdeada, normalmente sem manchas e com lóbulos planos. As anteras são, geralmente, azuis ou roxas (Costa e Henz, 2007).

3.3. Importância econômica e nutricional

As pimentas estão sendo cada vez mais utilizadas na alimentação, tanto no consumo do fruto *in natura* quanto no uso de pimenta desidratada ou industrializada, além das conservas, usos medicinais e ornamentais (Diprado et al., 2012). O mercado interno é distribuído de acordo com os hábitos alimentares de cada região, sendo que os estados onde são consumidos pratos mais picantes possuem um mercado regional mais intensificado (Rufino e Penteadó, 2006).

Uma importante parte do mercado de hortaliças do Brasil é composta por esse gênero, que inclui as pimentas e pimentões. A Ásia é a principal região produtora no mundo, representada, especialmente, pela China com produção de, aproximadamente, 16 milhões de toneladas, seguida pela América do Norte, representada pelo México, com produção média de 2 milhões de toneladas de pimentas e pimentões em 2014 (FAO, 2014). No Brasil, o cultivo de pimentas e pimentões, em 2006, teve uma produção de, aproximadamente, 20 mil e 249 mil toneladas, respectivamente (IBGE, 2006). No âmbito nacional, os principais estados produtores de pimenta são Minas Gerais, São Paulo, Goiás, Ceará e Rio Grande do Sul. A área cultivada é de cerca de 5 mil hectares, com produção

aproximada de 75 mil toneladas. A produtividade média depende do tipo de pimenta cultivada, variando de 10 a 30 t ha⁻¹ (Reifschneider e Ribeiro, 2008).

De acordo com Nascimento (2006), devido à exploração de novas variedades de pimentas e aos diversos fins empregados, como sua utilização em conservas, geleias e outras formas processadas, o seu consumo e o seu volume de comercialização, no Brasil, vêm aumentando. Além desses, o seu uso na indústria de cosméticos e para fins medicinais vem salientando sua importância, gerando renda para o pequeno produtor, que pratica a agricultura familiar. As pimentas malagueta (*C. frutescens*); a pimenta-de-cheiro, pimenta-de-bode, cumari-do-Pará, murupi, biquinho (*C. chinense*); a dedo-de-moça e cambuci (*C. baccatum*) são alguns dos tipos mais cultivados no país (Ribeiro et al., 2008).

A variedade de formatos, tamanhos e atributos sensoriais das pimentas, como sua pungência e aroma, são fatores que as tornam populares e mais atraentes ao paladar (Henz e Ribeiro, 2008). As pimentas são excelentes fontes de vitaminas C e E, carotenoides e xantofilas (Perucka e Materska, 2007), e possuem, também, compostos flavonoides e outros metabólitos secundários com propriedades antioxidantes, os quais são importantes para a saúde por auxiliarem na prevenção de doenças pela inativação de radicais livres (Lutz e Freitas, 2008). Alguns flavonoides, como a apigenina, também atuam no aumento da formação de neurônios humanos e no fortalecimento da comunicação entre eles (Souza et al., 2015). *C. baccatum* e *C. chinense* têm as maiores concentrações de ácido ascórbico e fenóis totais, sendo, portanto, recomendadas para consumo humano como fonte de fitoquímicos com atividade antioxidante (Antonious et al., 2006).

Fatores, como cultivar, estágio de maturação e cultivo, influenciam na quantidade de carotenoides nos tecidos dos frutos (Lutz e Freitas, 2008). A capsantina presente nas pimentas parece proteger contra doenças do coração e câncer de pulmão, estômago, colo do útero e garganta (Wall et al., 2001). Os frutos do gênero possuem, também, proteínas, glicídios, lipídeos, minerais, água e pequena taxa de matéria seca, cerca de 20 a 24%. Os frutos são, ainda, fontes importantes de fibras, elementos essenciais no processo de digestão e que previnem problemas intestinais (Reifschneider, 2000).

Os frutos do gênero podem ser pungentes ou não pungentes. Essa característica está relacionada à presença de capsaicinoides, sendo a capsaicina e a dihidrocapsaicina as mais importantes. Destacam-se, ainda, o teor de

carotenoides, associados à cor vermelha, e a presença de ácido ascórbico nos frutos. Os capsaicinoides são produzidos na placenta, ao longo da qual são dispostas as sementes. A aplicação farmacêutica da capsaicina é atribuída às suas propriedades antioxidantes, anticancerígenas, antiartrites e analgésicas (Simões et al., 2004; Akbar et al., 2010; Ashrafi et al., 2012).

O controle genético da determinação dos níveis de pungência em frutos de *Capsicum* é atribuído a um gene dominante. Em contrapartida, algumas pesquisas atribuem o controle da herança a poucos genes de efeito pronunciado e à existência de um complexo poligênico que regula a expressão dessa característica (Saccardo, 1992). A ausência de pungência em pimentas é controlada por um único gene recessivo, o *pun-1*, também conhecido como *c* (Wang e Bosland, 2006).

3.4. Caracterização morfológica

A caracterização e a avaliação dos acessos dos bancos e coleções de germoplasma permitem que se conheçam e se identifiquem o acervo disponível e os acessos duplicados, bem como a formação de coleções nucleares e a identificação de ocorrência ou não de variabilidade individual dos acessos (Valls, 2007). De forma geral, a caracterização pode ser morfológica, agrônômica, bioquímica, citogenética e molecular. Os descritores são, geralmente, caracteres com alta herdabilidade e apresentam pouca ou nenhuma influência ambiental (Valois et al., 2001; Rodrigues et al., 2010).

A identificação das espécies de *Capsicum* baseia-se em características relacionadas à morfologia floral, tais como cor da flor, constrição do cálice e número de flores por nó, que estão entre os descritores mais utilizados na diferenciação das espécies (Ince et al., 2010). No entanto, outros descritores são considerados essenciais para uma caracterização mais precisa do germoplasma, tais como as indicadas pelo *International Plant Genetic Resource Institute* (IPGRI, 1995), atualmente renomeado *Bioversity International*.

É essencial a caracterização e avaliação nos bancos e coleções de germoplasma das espécies domesticadas de *Capsicum* para o uso dos melhoristas, pois uma grande variabilidade, ainda não totalmente conhecida e explorada, pode estar disponível nessas espécies (Guzmán et al, 2005). Apesar

da precisão na estimativa da divergência genética entre acessos por meio de marcadores moleculares, o conhecimento do fenótipo dado por descritores morfológicos e agrônômicos é de extrema importância (Sudré et al., 2010), devido à sua capacidade de discriminar fenótipos de forma eficiente, além de permitir a identificação da variabilidade genética existente entre os genótipos avaliados.

Baba et al., (2015), avaliando a divergência genética entre acessos de *C. chinense* por meio de marcadores moleculares do tipo AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) e caracterização morfológica, concluíram que a análise conjunta das informações, moleculares e morfológicas, permitiram uma estimativa mais precisa da divergência genética entre os acessos, recomendando o uso dessas informações, quando possível, para estudos similares.

A análises multivariadas são utilizadas para estimar a diversidade genética por ser uma ferramenta que permite combinar as diferentes informações contidas no experimento, tornando possível a caracterização dos genótipos com base em um conjunto de variáveis (Ferrão et al., 2011). A aplicação da análise de agrupamento depende da utilização de distância de dissimilaridade ou similaridade previamente estimada.

Os métodos de agrupamento de otimização e hierárquicos, como o método de Tocher (Rao, 1952), de ligação média entre grupos (*Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean* – UPGMA), normalmente complementam os estudos de caracterização e avaliação. Dentre os métodos multivariados, o procedimento *Ward - Modified Location Model* (MLM), proposto por Franco et al. (1998), consiste em uma excelente estratégia para a quantificação da variabilidade, utilizando-se as variáveis quantitativas e qualitativas simultaneamente. Os dados qualitativos utilizados nas análises multivariadas são de natureza binária, isto é, ausência (0) ou presença (1) de uma determinada característica ou multicategórica, quando há mais de duas classes possíveis na caracterização da variável. Para a caracterização morfoagronômica, são mais utilizadas as variáveis multicategóricas (Sudré et al., 2006).

3.5. Uso de Marcadores Moleculares

Os marcadores moleculares são ferramentas auxiliares aos descritores morfológicos convencionais, pois permitem aos pesquisadores acessar a

variabilidade genética dentro e entre espécies, auxiliando na identificação de novas fontes de variabilidade e de utilidade no desenvolvimento de novas cultivares de pimenta (Prince et al., 1995; Rodriguez et al., 1999).

A caracterização morfológica vem sendo complementada pelo uso dos marcadores moleculares, pois eles cobrem parte do genoma e são pouco ou não influenciados pelo ambiente (Goulão e Oliveira, 2001). São definidos como qualquer fenótipo molecular oriundo de um gene expresso ou de um segmento específico de DNA (Ferreira e Grattapaglia, 1998). Eles possuem vantagens como estabilidade, são detectáveis em todos os tecidos independentemente da idade da planta e não sofrem influência ambiental, pleiotrópica ou epistática (Agarwal et al., 2008).

As técnicas moleculares são empregadas na estimativa da diversidade, auxiliando na seleção de genótipos a serem utilizados em cruzamentos para programas de melhoramento (Ibiza et al., 2012). Esse tipo de caracterização pode ser utilizado para *fingerprinting* de genótipos, estudos de diversidade genética, mapeamento, avaliação de estrutura populacional e na seleção de genótipos desejáveis para o melhoramento de plantas (Rauscher e Simko, 2013).

O genoma dos eucariotos possui sequências simples repetidas, que consistem de um a seis nucleotídeos repetidos em *tandem*, sendo denominadas Microssatélite ou SSR (*Simple Sequence Repeats*). As sequências de DNA que flanqueiam os microssatélites, geralmente, são conservadas entre os indivíduos de uma mesma espécie, permitindo a seleção de iniciadores específicos que amplificam, via PCR, fragmentos contendo o DNA repetitivo em todos os genótipos. Os produtos da amplificação são observados em gel de poliacrilamida ou em gel de agarose de alta resolução (Borém e Caixeta, 2009).

Os marcadores SSR e ISSR são considerados úteis nos estudos de diversidade genética por possuírem vantagens, devido à alta reprodutibilidade, sobre outros métodos baseados em PCR, tais como RAPD e AFLP (Goulão e Oliveira, 2001).

Os microssatélites (SSR) possuem herança codominante, são altamente polimórficos e muito abundantes por todo o genoma, possuem alta reprodutibilidade e a análise não requer grandes quantidades de DNA (Kumar et al., 2009; Ince et al., 2010). Esses marcadores têm alta taxa de transferência entre espécies relacionadas (Ince et al., 2010). A análise dos locos microssatélites

é feita pela técnica da reação da polimerase em cadeia (PCR), utilizando-se os iniciadores complementares às regiões que os flanqueiam. O polimorfismo em um loco é revelado pelas diferenças no número de vezes em que um microssatélite é repetido nele. Essas variações no número de repetições estão relacionadas ao comprimento do segmento amplificado via PCR, as quais são detectadas pela separação deste por meio da eletroforese (Buso et al., 2003).

Os marcadores ISSR permitem uma diferenciação rápida entre indivíduos, devido ao elevado grau de polimorfismo e baixo custo (Borba et al., 2005). É uma técnica simples, eficiente e possui alta reprodutibilidade. O ISSR é um marcador baseado em microssatélite, dominante, que não necessita do conhecimento prévio do genoma e do desenho do *primer* clonado. Ele possui diversas aplicações em genética de populações, por exemplo, no estudo de fluxo gênico, análise de paternidade ou, ainda, na identificação de cultivares (Reddy et al., 2002).

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Descrição do germoplasma

Foram avaliados 55 acessos de *Capsicum chinense* (Tabela 1) do banco de germoplasma de *Capsicum* spp. da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

Tabela 1. Acessos e procedência de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Acessos	Procedência	Acessos	Procedência
UENF 1707	São Luiz, MA	UENF 2086	UNEMAT
UENF 1708	São Luiz, MA	UENF 2087	UNEMAT
UENF 1720	Ilhéus, BA	UENF 2091	UNEMAT
UENF 1721	Ilhéus, BA	UENF 2093	UNEMAT
UENF 1722	Ilhéus, BA	UENF 2097	UNEMAT
UENF 1726	Ilhéus, BA	UENF 2100	UNEMAT
UENF 1730	Peru	UENF 2101	UNEMAT
UENF 1736	São Domingos, ES	UENF 2106	UNEMAT
UENF 1753	Ilhéus, BA	UENF 2107	UNEMAT

Tabela 1- Cont.

Acessos	Procedência	Acessos	Procedência
UENF 1764	Belém, PA	UENF 2110	UNEMAT
UENF 1765	Belém, PA	UENF 2111	UNEMAT
UENF 1768	Belém, PA	UENF 2112	UNEMAT
UENF 1770	Belém, PA	UENF 2113	UNEMAT
UENF 1787	São Luiz, MA	UENF 2115	UNEMAT
UENF 1788	São Luiz, MA	UENF 2116	UNEMAT
UENF 1791	São Luiz, MA	UENF 2118	UNEMAT
UENF 2036	Campos, RJ	UENF 2123	UNEMAT
UENF 2044	Campos, RJ	UENF 2129	UNEMAT
UENF 2051	Campos, RJ	UENF 2130	UNEMAT
UENF 2066	Campos, RJ	UENF 2131	UNEMAT
UENF 2073	Rio das Ostras, RJ	UENF 2133	UNEMAT
UENF 2074	Rio das Ostras, RJ	UENF 2134	UNEMAT
UENF 2075	Rio das Ostras, RJ	UENF 2135	UNEMAT
UENF 2078	UNEMAT	UENF 2137	UNEMAT
UENF 2079	UNEMAT	UENF 2140	UNEMAT
UENF 2082	UNEMAT	UENF 2153	UNEMAT
UENF 2083	UNEMAT	UENF 2154	UNEMAT
UENF 2085	UNEMAT		

4.2. Condições de cultivo e delineamento experimental

Os acessos foram semeados em bandejas de poliestireno de 128 células, contendo substrato comercial Vivatto[®]. Foram semeadas duas sementes por célula, com posterior desbaste. As bandejas foram mantidas em câmara de crescimento até as mudas estarem com dois pares de folhas definitivas. O transplante foi feito para vasos plásticos de cinco litros, constituído de uma mistura de terra, areia e esterco, na proporção de 1:1:1.

As plantas foram conduzidas em casa de vegetação (Figura 1), na Unidade de Apoio à Pesquisa (UAP), da UENF, em Campos dos Goytacazes, RJ. O delineamento experimental utilizado foi inteiramente ao acaso (DIC), com cinco

repetições e as plantas distribuídas no espaçamento de 1,0 m entre linhas e 0,5 m entre plantas. Todos os tratos culturais utilizados seguiram as recomendações de Filgueira (2012) com algumas adaptações para cultivo protegido.



Figura 1. Experimento conduzido em casa de vegetação na UAP/UENF. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

4.3. Caracterização morfológica

Os acessos foram caracterizados com base nos descritores morfoagronômicos específicos para *Capsicum*, que são disponibilizados pelo *Bioversity International* (IPGRI, 1995). Foram avaliadas 21 características qualitativas e 16 quantitativas (Tabelas 2 e 3).

Tabela 2. Descritores qualitativos utilizados para avaliar os 55 acessos de *C. chinense* e suas respectivas classes observadas. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Descritores ¹	Classes observadas
CH	1 = Branco; 2 = Verde; 3 = Roxo;
CFC	1 = Verde claro; 2 = Verde; 3 = Verde escuro; 4 = Roxo claro; 5 = Roxo; 6 = Roxo escuro; 7 = Variegado; 8 = Amarelo 9 = Outro;
FFC	1 = Deltoide; 2 = Oval; 3 = Lanceolada; 4 = Alongada-deltoide;
CC	1 = Verde; 2 = Verde com listras rosas; 3 = Roxo; 4 = Outro;
CAN	1 = Verde; 3 = Roxo claro; 5 = Roxo; 7 = Roxo escuro;
FC	1 = Cilíndrico; 2 = Angulado; 3 = Achatado;
PC	3 = Esparso; 5 = Intermediário; 7 = Denso;
HC	3 = Prostrado; 5 = Intermediário; 7 = Ereto; 9 = Outro;
FF	1 = Deltoide; 2 = Oval; 3 = Lanceolada;
PF	3 = Pingente; 5 = Intermediária; 7 = Ereta;
CCRL	1 = Branca; 2 = Amarelo claro; 3 = Amarela; 4 = Amarela esverdeada; 5 = Roxa com a base branca; 6 = Branca com a base roxa; 7 = Branca com a margem roxa; 8 = Roxa; 9 = Outro;

¹ CH - Cor do Hipocótilo; CFC - Cor da folha cotiledonar; FFC - Forma da folha cotiledonar; CC - Cor do caule; CAN - Cor da antocianina do nó; FC - Forma do caule; PC - Pubescência do caule; HC - Hábito de crescimento da planta; CFO - Cor da folha; FF - Forma da folha; PF - Posição da flor; CCRL - Cor da corola; CMC - Cor da mancha da corola.

Tabela 2 - Cont.

Descritores¹	Classes observadas
CA	1 = Branca; 2 = Amarela; 3 = Azul claro; 4 = Azul; 5 = Roxa; 6 = outro;
NFA	1 = uma; 2 = duas; 3 = três ou mais; 4 = muitas com entrenó curto; 5 = uma e duas; 6 = uma, duas e três; 7 = duas e três e 8 = duas, três e quatro;
FCRL	1 = Redonda; 2 = Campanulada; 3 = Outro;
CFEI	1 = Branco; 2 = Amarelo; 3 = Verde; 4 = Laranja; 5 = Roxo; 6 = Roxo profundo; 7 = Outro;
CFM	1 = Branco; 2 = Amarelo-limão; 3 = amarelo alaranjado claro; 4 = Laranja amarelado; 5 = Laranja claro; 6 = Laranja; 7 = Vermelho claro; 8 = Vermelho; 9 = Vermelho escuro; 10 = Roxo; 11 = Marrom; 12 = Preto; 13 = Outro;
FFR	1 = Alongado; 2 = Arredondado; 3 = Triangular; 4 = Campanulado; 5 = Bloco; 6 = Outro;
PBF	0 = Ausente; 1 = Presente;
SFR	1 = Lisa; 2 = Semi-enrugada; 3 = Enrugada;
NL	1 = Um; 2 = Dois; 3 = Três; 4 = Quatro;
CPS	1 = Presente; 0 = Ausente. Testada utilizando-se vanadato de amônio.

1 CA - Cor da antera; NFA - N^o de flores por axila; FCRL - Formato da corola; CFEI - Cor do fruto no estágio intermediário; CFM - Cor do fruto no estágio maduro; FFR - Forma do fruto; PBF - Pescoço na base do fruto; SFR - Superfície do fruto; NL - Número de Lóculos; CPS – Capsaicina.

Tabela 3. Descritores quantitativos utilizados para avaliar os 55 acessos de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Descritores¹	Método de avaliação
AP (cm)	Verificado quando 50% das plantas apresentarem frutos maduros, medindo-se da superfície do solo até o ponto mais alto da planta com auxílio da trena metálica;
DCO (cm)	Medido após a primeira colheita entre os pontos mais largos da copa, com auxílio de uma trena metálica;
DCA (mm)	Medido na parte mediana da primeira bifurcação, com o uso de um paquímetro digital;
DPG	Número de dias da sementeira até que 50% das plantas tenham germinado;
DPFL	Número de dias da germinação até que 50% das plantas tenham, pelo menos, uma flor aberta;
DPFR	Número de dias da germinação até que 50% das plantas tenham frutos maduros na primeira e na segunda bifurcação;
DPM	Número de dias após a germinação até que 50% dos frutos estejam maduros;
CFR (mm)	Determinado na região longitudinal dos frutos, em uma média de cinco frutos maduros;
DFR	Determinado na região equatorial dos frutos, em uma média de cinco frutos maduros;
MMF	Determinado quando o fruto estiver maduro;
CFC	Medido quando estiverem totalmente desenvolvidos;
DFC	Medido quando estiverem totalmente desenvolvidos;
CF (cm)	Medido quando as folhas estiverem totalmente desenvolvidas, em uma média de cinco folhas por planta;
LF (cm)	Medido quando as folhas estiverem totalmente desenvolvidas, em uma média de cinco folhas por planta;
CP (mm)	Determinado quando o fruto estiver maduro, em uma média de cinco frutos;
EP (mm)	Medido na maior espessura da polpa do fruto após um corte transversal, em uma média de cinco frutos maduros.

¹ AP - Altura da planta; DCO - Diâmetro da copa; DCA - Diâmetro do caule; DPG – Dias para germinação; DPFL - Dias para florescimento; DPFR - Dias para frutificação; DPM – Dias para maturação; CFR - Comprimento do fruto; DFR - Diâmetro do fruto; MMF – Massa média do fruto; CFC - Comprimento da folha cotiledonar; DFC - Diâmetro da folha cotiledonar; CF - Comprimento da folha; LF - Largura da folha; CP - Comprimento do pedúnculo; EP - Espessura do pericarpo.

4.4. Análise estatística dos dados morfoagronômicos

4.4.1. Variáveis qualitativas

Os descritores qualitativos foram avaliados, utilizando-se a estatística descritiva com base na moda, que se constitui no valor mais frequente em um conjunto de variáveis das notas atribuídas a cada genótipo.

4.4.2. Variáveis quantitativas

Os descritores quantitativos foram submetidos ao teste de normalidade dos dados pelo método de Lilliefors. Após a verificação das pressuposições para uma análise de variância, os caracteres foram submetidos à mesma. A análise de variância foi realizada de acordo com o delineamento inteiramente ao acaso, conforme o modelo estatístico:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + e_{ij},$$

em que: Y_{ij} : valor observado para a variável em estudo referente ao i -ésimo tratamento na j -ésima repetição; μ : média geral; g_i : efeito do genótipo i ; e_{ij} : erro experimental associado à observação Y_{ij} .

Verificada a diferença significativa entre os acessos em nível de 5% para cada variável analisada pelo teste F, foi realizado um agrupamento de médias pelo critério de Scott-Knott ao nível de 5% de significância. As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES (Cruz, 2013).

As estimativas dos coeficientes de correlação fenotípica de Pearson (r) foram obtidas com base nas médias de repetições entre os caracteres combinados dois a dois, e a importância relativa dos caracteres quantitativos para a divergência genética foi determinada pelo método de Singh (1981).

4.4.3. Análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas

Foi obtida a matriz de distância, com base na Distância de Gower (Gower, 1971), relativa às 37 variáveis morfoagronômicas avaliadas nos ensaios. A matriz de agrupamento foi obtida pelo método WARD-MLM e a definição do número

ótimo de grupos foi realizada com o auxílio do pacote *Cluster*. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa R (<http://www.r-project.org>).

4.5. Caracterização molecular

4.5.1. Material vegetal

Foram coletadas folhas das cinco repetições de cada acesso de *C. chinense* para análise comparativa. As análises moleculares foram realizadas de julho a dezembro de 2016, no Laboratório de Melhoramento Genético Vegetal, do Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da UENF, de acordo com as fases descritas a seguir.

4.5.2. Extração do DNA

As amostras de folhas jovens foram coletadas em *bulk*, colocadas em envelopes de papel alumínio, identificadas, imersas e transportadas em N₂ líquido e armazenadas em ultrafreezer a uma temperatura de -86°C. Posteriormente, cerca de 300 mg de tecido macerado em nitrogênio líquido foram transferidos para microtubos (2,0 mL), devidamente identificados.

A extração do DNA genômico seguiu o procedimento descrito por Doyle e Doyle (1987), com modificações (Daher et al., 2002). Após a maceração, foram adicionados 700 µL do tampão de extração pré-aquecido, contendo CTAB em concentração final de 2%, NaCl - 1,4 M, EDTA - 20 mM, Tris-HCl (pH =8,0) - 100 mM, 1% de polivinilpirrolidona sólido (PVP) e 0,2% de β- mercaptoetanol. O material foi incubado em banho-maria a 65°C por 45 minutos, e os microtubos, agitados em intervalos de 10 minutos.

Após as amostras atingirem a temperatura ambiente, foram adicionados 600 µL de clorofórmio: álcool isoamílico (24:1) para a desproteínização. Foram feitas inversões do material durante, aproximadamente, um minuto até que este ficasse turvo. A fase orgânica foi separada por centrifugação, a 14000 rpm, por um minuto.

Feita a centrifugação, foi coletada uma fração do sobrenadante, que foi transferida para novos microtubos (1,5 mL), devidamente identificados. Os ácidos nucleicos foram precipitados pela adição de dois terços (500 µL) do volume de isopropanol gelado e incubados por 30 minutos, a -20°C. O precipitado foi sedimentado por centrifugação, a 14000 rpm, por 15 minutos. O sobrenadante foi descartado e o precipitado lavado duas vezes com 500 µL de etanol a 70%, para retirada do sal presente (entre cada lavagem, o material foi centrifugado a 14000 rpm durante 5 minutos). Após o descarte do último sobrenadante, o material foi deixado para secar em condições naturais, até que o etanol fosse removido. Em seguida, o material foi ressuspendido em 200µL de solução TE (Tris-EDTA – 10 mmol L⁻¹ Tris-HCl, 1mmol L⁻¹ EDTA, pH 8,0) com RNase a uma concentração final de 10µg mL⁻¹ e incubado em banho-maria a 37°C, por 30 minutos. Logo após, o material foi armazenado a -20°C até o uso.

Após a extração, a integridade e a quantificação do DNA genômico foram verificadas via gel de agarose a 1,0%, utilizando-se o marcador *High DNA Mass Ladder* (Invitrogen, USA). Com base nesses resultados, todas as amostras foram diluídas para a concentração de trabalho de 5ng µL⁻¹.

4.5.3. Condições de amplificação para ISSR

As análises de reações de amplificação do DNA foram realizadas, utilizando-se 35 iniciadores ISSR. Cada iniciador foi anteriormente testado, a fim de encontrar sua temperatura ideal de amplificação. As reações de PCR ocorreram em termociclador (modelo *Veriti 384-well Thermal Cycler Applied Biosystems*). Esse teste foi realizado através de reações de amplificação com um volume final de 13 µL, contendo os seguintes reagentes: 6,08 µL de água ultrapura, 1,3 µL do tampão de PCR (1X), 1,5 µL de dNTPs, 1,0 µL de cloreto de magnésio, 0,12 µL da enzima Taq polimerase e 2 µL de DNA. Foi aplicado 1 µL de iniciador e, posteriormente, adicionado o mix descrito anteriormente.

As reações da polimerase em cadeia (PCR) foram conduzidas da seguinte forma: 5 min a 94°C para desnaturação inicial, seguindo-se os 35 ciclos, cada um consistiu de 94°C por 1 min, 48-52°C por 1 min, 72°C por 3 min, e uma extensão final a 72°C por 7 min. Os fragmentos amplificados foram separados em gel de agarose 2%, corados com 6 µL da mistura *gel red* e *blue juice* na concentração

1:1 e submetidos à luz UV (Fotodocumentador *Minibis Pro – Bio-imaging System*) para visualização dos resultados. As imagens dos géis foram capturadas para posterior análise.

Após realização do gradiente de temperatura, 18 iniciadores foram selecionados e testados na população, através de reações de amplificação com um volume final de 13 µL, contendo os seguintes reagentes: 6,08 µL de água ultrapura, 1,3 µL do tampão de PCR (1X), 1,5 µL de dNTPs, 1,0 µL de cloreto de magnésio, 1,0 µL do iniciador e 0,12 µL da enzima Taq polimerase. Foram aplicados 2 µL de DNA genômico e, posteriormente, adicionado o mix descrito anteriormente.

As reações da polimerase em cadeia (PCR) foram conduzidas da seguinte forma: 4 min a 94°C para desnaturação inicial, seguindo-se os 38 ciclos, cada um consistiu de 94°C por 1 min, 48-52°C por 1 min (conforme temperatura ideal para amplificação de cada iniciador), 72°C por 3 min e uma extensão final a 72°C por 7 min. Os fragmentos amplificados foram separados por eletroforese em gel de agarose 2%, corados com 6 µL da mistura *gel red e blue juice* na concentração 1:1 e submetidos à luz UV para visualização dos resultados. As imagens dos géis foram capturadas para posterior análise.

Os iniciadores utilizados na genotipagem dos acessos estão descritos na tabela 4.

Tabela 4. Iniciadores ISSR utilizados na genotipagem de 55 acessos de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Identificação do Primer	Sequência (5'-3')	Temperatura de anelamento
4	(GTG) ₃ GC	52°C
5	(AG) ₈ YT	50°C
6	(AC) ₈ CG	48°C
7	(AC) ₈ CT	48°C
9	(TG) ₈ GG	52°C
11	(GGAT) ₃ GA	48°C
12	(GAA) ₆ AA	52°C
17	(AC) ₈ T	50°C

Tabela 4 - Cont.

Identificação do Primer	Sequência (5'-3')	Temperatura de anelamento
19	(AG) ₈ YA	48°C
20	(GA) ₈ YT	52°C
23	(CA) ₈ CYG	52°C
25	(ATG) ₆	52°C
41	(TC) ₈ AGG	50°C
50	(AC) ₈ C	52°C
51	(ATC) ₆ T	50°C
57	(GA) ₉ T	50°C
75	(AC) ₈ G	50°C
81	(GA) ₈ YG	48°C

4.5.4. Condições de amplificação para microssatélites

Foram testados 47 pares de iniciadores microssatélites, desenvolvidos e otimizados para mapeamento de *C. annuum* (Minamiyama et al., 2006).

Cada iniciador foi anteriormente testado, a fim de encontrar sua temperatura ideal de amplificação. Esse teste foi realizado através de reações de amplificação com um volume final de 13 µL, contendo os seguintes reagentes: 6,08 µL de água ultrapura, 1,3 µL do tampão de PCR (1X), 1,5 µL de dNTPs, 1,0 µL de cloreto de magnésio, 0,12 µL da enzima Taq polimerase e 2 µL de DNA. Foi aplicado 1 µL de iniciador e, posteriormente, adicionado o mix descrito anteriormente.

As reações da polimerase em cadeia (PCR) foram conduzidas da seguinte forma: 4 min a 94°C, seguindo-se os 35 ciclos de 1min a 94°C, 1min a 56-66°C, 72°C por 2 min, e uma extensão final a 72°C por 7 min. Os fragmentos amplificados foram separados em gel de agarose 2%, corados com 6 µL da mistura *gel red* e *blue juice* na concentração 1:1 e submetidos à luz UV (Fotodocumentador *Minibis Pro – Bio-imaging System*) para visualização dos resultados. As imagens dos géis foram capturadas para posterior análise.

Após a realização do gradiente de temperatura, foram obtidos 17 pares de iniciadores (Tabela 5) e as reações de amplificação foram preparadas para um volume final de 13 μL por amostra, contendo: 6,08 μL de água ultrapura, 1,3 μL do tampão de PCR (1X), 1,5 μL de dNTPs, 1,0 μL de cloreto de magnésio, 1,0 μL do iniciador, 0,12 μL da enzima Taq polimerase e 2 μL de DNA.

As reações de PCR foram feitas da seguinte forma: 4 min a 94°C (desnaturação inicial), seguido de 35 ciclos de 1 min a 94°C, 1 min a 56-66°C (de acordo com o ideal para o iniciador utilizado), 2 min a 72°C, e a extensão final por 7min a 72°C.

Os fragmentos amplificados foram separados em gel de agarose de alta resolução Metaphor 4% e corados com 6 μL da mistura *gel red* e *blue juice* na concentração 1:1. Para estimar o tamanho dos fragmentos, foi utilizado marcador de 100 pares de base DNA *Ladder*. Os géis foram submetidos à luz ultravioleta para visualização. As imagens foram capturadas para posterior análise.

Tabela 5. Pares de iniciadores microssatélites utilizados na análise de divergência entre 55 acessos de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Identificação do Iniciador	Iniciador Forward (5'-3')	Iniciador Reverse (5'-3')	Temperatura de anelamento
TES-402	gccgaatctacaaagaggagca	atcaccaacaaaacggaagac	60°C
CAMS-888	cctcggagtggttgtgat	gcttggtcacgccacctat	60°C
CM-005	catgaccaccatgaggata	gatagccacgagcatagtatt	59°C
344	tgttgctcgaactcctcaaa	cataggagaggttaacccgca	63°C
CAN-130829	gctaattactgctccgtttg	aatgggggagttgttttg	60°C
GP-1102	gaacccttcattcctgtatgt	ttgcccgattatgtaaatac	59°C
CA-505155	taatcgagcggtagattcgg	taagtgagggtgccctctg	63°C
CB-164897	gggacgtatttccaagagg	cttcgcctgttgactaggg	63°C
CACCF1i	ctctaataaggcaatagctgacatgc	gcagctcccagaacgtgtcc	63°C
CM-0008	atagctcacatgccctataaa	aatcttgagcaataattggac	59°C
CM-0006	agttaacaactttgggtgtgt	taatatggtaagcacattcca	56°C
CM-0010	ttggttttgctactggtaat	aaactgtcatatattgtgtgact	56°C
CAMS-089	aacagcgtgatcctttacc	caacatcacagtggcagaaga	66°C
CAMS-051	accagttcccttcttggt	gaaggtagcggaatgaacg	60°C
CAMS-081	gtgggggagagttgggtat	tgggggtaacactagcatg	63°C
CAMS-191	cccgaatccaagtcattgag	taaataccggtcccttcct	63°C
CAMS-095	cgctagcatgacactcaagg	aaacggcaaggctacacatc	63°C

4.6. Análise estatística dos dados moleculares

4.6.1. Marcadores ISSR

As variáveis foram obtidas pela avaliação visual das bandas mais consistentes e evidentes nos 55 acessos estudados. A análise dessas variáveis foi realizada considerando a matriz binária construída, usando os valores de um para indicar presença de banda e 0 para indicar ausência de banda.

Foi estimada a dissimilaridade genética entre os acessos de *C. chinense*. Para obtenção da matriz de dissimilaridade genética, foi utilizado o complemento aritmético do Índice de Jaccard. Esse coeficiente consiste na comparação do número de presenças de bandas comuns e o número total de bandas envolvidas, excluindo o número de ausências conjuntas. Esse coeficiente é definido pela expressão:

$$D_{ij} = 1 - S_{ij}$$

Onde:

$$S_{ij} = \frac{a}{a + b + c}$$

a = número de bandas presentes nos acessos i, j;

b = número de bandas presentes no acesso i e ausentes no acesso j;

c = número de bandas presentes no acesso j e ausentes no acesso i.

Foi realizada análise de agrupamento baseada em modelo bayesiano para determinar o número ótimo de *clusters* genéticos, utilizando-se o *software Structure* 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), de acordo com o método descrito por Evanno et al. (2005), com 100.000 repetições. Foram testados valores de K entre 1 e 10, com 20 iterações independentes para cada grupo.

4.6.2. Marcadores microssatélites

Os dados da amplificação dos iniciadores SSR foram convertidos em código numérico por loco para cada alelo. Foi construída uma matriz de dados

numéricos na qual foram atribuídos valores de 1 até o número máximo de alelos encontrados por loco. A definição representativa de cada genótipo foi feita conforme descrito a seguir: considerando um loco com três alelos, tem-se a representação 11, 22 e 33 para os considerados homocigotos (A_1A_1 , A_2A_2 e A_3A_3), ao passo que, para aqueles considerados heterocigotos A_1A_2 , A_1A_3 e A_2A_3 , foram utilizados 12, 13 e 23, respectivamente.

A partir dessa matriz numérica, foi calculada a distância genética entre os acessos estudados, com o auxílio do programa GenALEx (Peakal e Smouse, 2012), utilizando-se o índice de Smouse e Peakall.

Para as estimativas dos valores do número médio de alelos por loco polimórfico (A), heterocigose esperada (H_e), heterocigose observada (H_o) e conteúdo de informação polimórfica (PIC - Polymorphism Information Content), foi utilizado o programa Genes (Cruz, 2013).

O número médio de alelos por loco polimórfico (N_m) foi obtido pela razão do número total de alelos (A) pelo número de locos analisados (L).

$$N_m = \frac{A}{L}$$

Os índices H_e e H_o para cada loco foram obtidos da seguinte forma:

$$H_e = 1 - (p_i^2)$$

$$H_o = 1 - P_{ii}$$

em que: p_i = frequência alélica estimada do i -ésimo alelo; e P_{ii} = frequência estimada do homocigoto ii . A estimativa média desses valores foi calculada pela média aritmética entre todos os locos analisados.

Foi realizada análise de agrupamento baseada em modelo bayesiano para determinar o número ótimo de *clusters* genéticos, utilizando-se o *software Structure* 2.3.4 (Pritchard et al., 2000), de acordo com o método descrito por Evanno et al., (2005), com 10.000 repetições. Foram testados valores de K entre 1 e 40, com 10 iterações independentes para cada grupo.

4.6.3. Análise conjunta dos marcadores ISSR e microssatélite

Foi obtida a matriz de distância, com base na Distância de Gower (Gower, 1971), relativa aos marcadores ISSR e microssatélite. A matriz de agrupamento foi obtida pelo método WARD-MLM, e a definição do número ótimo de grupos foi realizada com o auxílio do pacote *Cluster*. Todas as análises foram realizadas com o auxílio do programa R (<http://www.r-project.org>).

4.7. Análise conjunta das variáveis morfoagronômicas e moleculares

As matrizes de distância relativa às 37 variáveis morfoagronômicas avaliadas nos ensaios e as matrizes obtidas com base nos marcadores ISSR e microssatélite foram comparadas, utilizando-se o pacote *Dendextend* no programa R (<http://www.r-project.org>).

5. RESULTADOS E DISCUSSÃO

5.1. Características morfoagronômicas

5.1.1 Características qualitativas

Os descritores formato e pubescência do caule, formato da folha, forma da corola, cor e formato da folha cotiledonar foram monomórficos, sendo eles angulado, esparso, oval, redonda, verde e lanceolada respectivamente (Tabela 6).

A cor do hipocótilo, em 78,2% dos acessos, foi de coloração verde, enquanto os 21,8% dos acessos restantes apresentaram coloração roxa. A cor do caule variou entre verde 85,45%, verde com listras roxas 12,7%, e roxo 1,85% entre os acessos. A coloração da antocianina do nó foi ausente para 73,5%, roxa para 10,1%, roxa clara para 9,1% e roxa escura para 7,3% dos acessos. A antocianina é um composto fenólico pertencente ao grupo dos flavonoides, que, dentre outras funções, contribuem para a ajustamento osmótico em condições de estresse por seca e frio, como antioxidante e na proteção contra a ação da luz ultravioleta (Araújo e Deminicis, 2009)

O hábito de crescimento ereto foi encontrado para 80% dos acessos, enquanto os 20% restantes apresentaram hábito de crescimento compacto. Segundo Sudré (2003), essa característica é importante para o manejo da cultura, pois plantas mais altas e com copa pequena podem necessitar de tutoramento, enquanto plantas mais baixas dificultam o manejo, como pulverização e capinas,

por exemplo. A variável posição da flor apresentou 50,9% dos acessos na posição intermediária, 38,2% na posição ereta, e 10,9% na posição pingente. Os acessos apresentaram coloração branca 96,36% e amarela clara 3,64% para corola. As anteras apresentarem coloração roxa para 56,36% dos acessos, azul para 38,2% e amarela para 5,44% (Figura 2). A presença de anteras amarelas em flores de *Capsicum chinense* não é uma característica comum, sendo azul e roxa as mais encontradas, demonstrando a importância de trabalhos de caracterização e o conhecimento da diversidade existente entre os acessos. Quanto às flores, 74,54% dos acessos apresentaram duas por nó, enquanto 25,45% três por nó.

Os frutos, no estágio intermediário, apresentaram coloração que variou entre laranja, 72,7%, verde, 21,8% e roxo, 5,5%. Os frutos, no estágio maduro, apresentaram ampla variação de cores, sendo 50,9% dos acessos com frutos vermelhos, 12,8% vermelho escuro, 10,9% laranjas claro, 10,9% laranjas, 9,1% vermelhos claro, 1,8% laranjas com extremidades roxas, 1,8% amarelo claro e 1,8% marrom. Baba et al., (2015) encontraram, avaliando acessos de *C. chinense*, a predominância de frutos com a coloração vermelha no estágio maduro, seguido da cor laranja. Segundo Casali e Stringueta (1984), a coloração dos frutos maduros é a principal característica considerada no desenvolvimento de cultivares para produção de páprica e quanto maior o teor de pigmentos vermelhos, mais intensa é a coloração do pó.

A maioria dos frutos, 45,45% apresentou formato triangular, seguido pelos formatos alongado, 16,4%, quadrado, 16,4%, arredondado, 12,7%, campanulado, 5,45%, sino 1,8% e ovalado 1,8%. Neitzke et al., (2014), trabalhando com caracterização de espécies de *Capsicum* spp., também encontraram todos os estados do descritor para formato dos frutos.

Os caracteres cor e formato dos frutos apresentaram ampla variabilidade dentre os acessos estudados (Figura 3), destacando-se a grande variedade de formas, tamanhos e cores presentes nas pimentas da espécie. Essas características são atrativas ao mercado de pimentas, podendo esses frutos serem utilizados no processamento, principalmente, de conservas em vidros transparentes, devido a características de frutos de pequenas dimensões e de colorido intenso, além de terem uma boa aceitação no comércio *in natura* (Neitzke et al., 2014).

Dentre os acessos, 83,6% não apresentaram pescoço na base do fruto, enquanto os 16,4% restantes apresentaram. Quanto à rugosidade dos frutos, 41,8% apresentaram superfície semi-enrugada, 40% superfície lisa e 18,2% superfície enrugada. Essa é uma característica que influencia o mercado de pimentas, sendo os frutos com superfície lisa mais bem aceitos, por apresentarem aspecto de frutos mais frescos. 80% dos acessos apresentaram três lóculos, 10,9% quatro lóculos e 9,1% dois lóculos. Quanto à pungência, 85,45% dos acessos apresentaram capsaicina, enquanto, apenas, 14,55% dos acessos foram doces.

A pungência é uma característica comum nas pimentas de *C. chinense*, como, por exemplo, as pimentas habanero e cumari-do-Pará, mas a espécie possui, também, frutos doces, como a pimenta-biquinho (Heiser, 1995). A pungência é uma característica de qualidade para pimentas frescas e, também, para produtos processados, sendo o conteúdo de capsaicina um dos requisitos principais para determinar a qualidade comercial dos frutos de pimenta (Domenico et al., 2012).

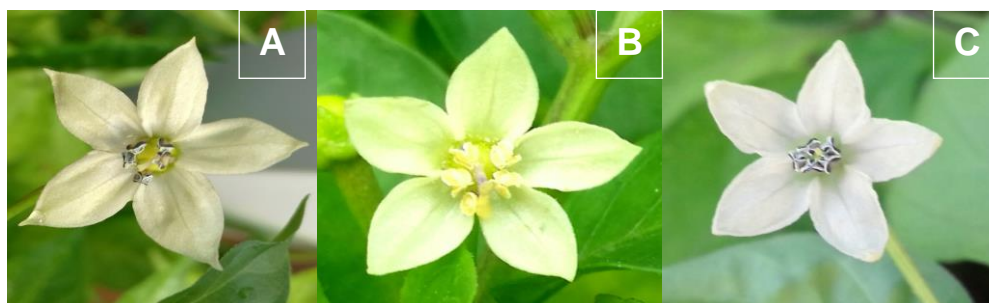


Figura 2. Coloração das anteras de *C. chinense*: A – azuis, B – amarelas e C – roxas. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017



Figura 3. Diversidade de cores e formatos encontrada dentre os 55 acessos de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Tabela 6. Caracteres qualitativos avaliados nos 55 acessos de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Acessos	CH	CFC	FFC	CC	CAN	FC	PC	HC	FF	PF	CCRL
UENF 1707	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde c/ listr roxa	Roxo claro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1708	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde c/ listr roxa	Roxo	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1720	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1721	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo claro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Pingente	Branca
UENF 1722	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1726	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo escuro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 1730	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Pingente	Branca
UENF 1736	Verde	Verde	Lanceolada	Verde c/ listr roxa	Roxo	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1753	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo claro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1764	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo escuro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 1765	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1768	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1770	Verde	Verde	Lanceolada	Verde c/ listr roxa	Roxo claro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 1787	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde c/ listr roxa	Roxo	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1788	Verde	Verde	Lanceolada	Verde c/ listr roxa	Roxo claro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 1791	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde c/ listr roxa	Roxo escuro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2036	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2044	Roxo	Verde	Lanceolada	Roxo	Roxo escuro	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2051	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2066	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Pingente	Branca
UENF 2073	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2074	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Roxo	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Amarelo claro

Tabela 6 - Cont

Acessos	CH	CFC	FFC	CC	CAN	FC	PC	HC	FF	PF	CCRL
UENF 2075	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2078	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2079	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2082	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2083	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2085	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2086	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2087	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2091	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2093	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2097	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Pingente	Branca
UENF 2100	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2101	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2106	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2107	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2110	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2111	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2112	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Pingente	Branca
UENF 2113	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2115	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Pingente	Amarela clara
UENF 2116	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2118	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2123	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca

Tabela 6 – Cont.

Acessos	CH	CFC	FFC	CC	CAN	FC	PC	HC	FF	PF	CCRL
UENF 2129	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2130	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2131	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2133	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2134	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2135	Roxo	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Compacto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2137	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Ereta	Branca
UENF 2140	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2153	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca
UENF 2154	Verde	Verde	Lanceolada	Verde	Verde	Angulado	Esparso	Ereto	Oval	Intermed.	Branca

CH – Cor do hipocótilo; CFC – Cor da folha cotiledonar; FFC – Formato da folha cotiledonar; CC – Cor do caule; CAN – Cor da antocianina do nó; FC – Formato do caule; PC – Pubescência do caule; HC – Hábito de crescimento; FF – Formato da folha; PF – Posição da flor; CCRL – Cor da corola.

Tabela 6 – Cont.

Acessos	CA	NFN	FCRL	CFEI	CFM	FFR	PBF	SFR	NL	CPS
UENF 1707	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Arredondado	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 1708	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 1720	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Presente	Lisa	Dois	Presente
UENF 1721	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Alongado	Presente	Semi-enrugada	Dois	Presente
UENF 1722	Azul	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Quadrado	Ausente	Semi-enrugada	Quatro	Presente
UENF 1726	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Alongado	Ausente	Semi-enrugada	Três	Ausente
UENF 1730	Azul	Duas	Redonda	Verde	Marrom	Alongado	Ausente	Enrugada	Quatro	Ausente
UENF 1736	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho escuro	Quadrado	Ausente	Semi-enrugada	Quatro	Ausente
UENF 1753	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Campanulado	Ausente	Semi-enrugada	Quatro	Ausente
UENF 1764	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Alongado	Ausente	Enrugada	Três	Presente
UENF 1765	Amarela	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Arredondado	Presente	Lisa	Três	Presente
UENF 1768	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho claro	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Ausente
UENF 1770	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho claro	Campanulado	Ausente	Semi-enrugada	Quatro	Presente
UENF 1787	Amarela	Duas	Redonda	Roxo	Amarelo claro	Ovalado	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 1788	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Quadrado	Ausente	Enrugada	Três	Presente
UENF 1791	Roxa	Três	Redonda	Roxo	Laran. c/ extr. roxa	Quadrado	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2036	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2044	Roxa	Três	Redonda	Roxo	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2051	Roxa	Duas	Redonda	Verde	Laranja claro	Sino	Ausente	Enrugada	Três	Presente
UENF 2066	Azul	Duas	Redonda	Verde	Laranja claro	Quadrado	Ausente	Enrugada	Três	Presente

Tabela 6 – Cont.

Acessos	CA	NFN	FCRL	CFEI	CFM	FFR	PBF	SFR	NL	CPS
UENF 2073	Azul	Duas	Redonda	Verde	Laranja claro	Quadrado	Ausente	Semi-enrugada	Três	Ausente
UENF 2074	Azul	Três	Redonda	Verde	Laranja claro	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Três	Ausente
UENF 2075	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Arredondado	Ausente	Lisa	Dois	Presente
UENF 2078	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2079	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Alongado	Presente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2082	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Arredondado	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2083	Roxa	Duas	Redonda	Verde	Laranja	Alongado	Presente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2085	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Alongado	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2086	Azul	Três	Redonda	Verde	Laranja claro	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Três	Ausente
UENF 2087	Roxa	Duas	Redonda	Verde	Laranja	Arredondado	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2091	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Arredondado	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2093	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Alongado	Presente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2097	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho claro	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2100	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2101	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho escuro	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2106	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2107	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho escuro	Quadrado	Ausente	Enrugada	Três	Presente
UENF 2110	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho escuro	Quadrado	Ausente	Enrugada	Quatro	Presente
UENF 2111	Roxa	Duas	Redonda	Verde	Laranja	Triangular	Ausente	Lisa	Dois	Presente
UENF 2112	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho claro	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2113	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho escuro	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2115	Roxa	Duas	Redonda	Verde	Laranja	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente

Tabela 6 – Cont.

Acessos	CA	NFN	FCRL	CFEI	CFM	FFR	PBF	SFR	NL	CPS
UENF 2116	Roxa	Duas	Redonda	Verde	Laranja	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2118	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho escuro	Triangular	Presente	Enrugada	Três	Presente
UENF 2123	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho claro	Alongado	Ausente	Enrugada	Três	Presente
UENF 2129	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Quadrado	Ausente	Enrugada	Três	Presente
UENF 2130	Azul	Duas	Redonda	Verde	Laranja claro	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Dois	Presente
UENF 2131	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Campanulado	Presente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2133	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2134	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2135	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2137	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Arredondado	Ausente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2140	Azul	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho escuro	Triangular	Presente	Semi-enrugada	Três	Presente
UENF 2153	Roxa	Duas	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente
UENF 2154	Roxa	Três	Redonda	Laranja	Vermelho	Triangular	Ausente	Lisa	Três	Presente

CA – Cor da antera; NFN – N^o de flores por nó; FCRL – Formato da corola; CFEI – Cor do fruto no estágio intermediário; CFM – Cor do fruto maduro; FFR – Formato do fruto; PBF – Pescoço na base do fruto; SFR – Superfície do fruto; NL – N^o de lóculos; CPS – Capsaicina.

5.1.2. Características quantitativas

Todos os acessos apresentaram diferença altamente significativa para as variáveis quantitativas pelo teste F, evidenciando a ampla variabilidade entre os acessos armazenados no Banco de Germoplasma da UENF (Tabela 7).

A variável dias para germinação apresentou o menor valor de coeficiente de variação (CV), 1,61%, enquanto a massa média de frutos teve o maior, 23,95%. De acordo com o proposto por Silva et al., (2011), avaliando o coeficiente de variação para caracteres de frutos de pimenteiras, os valores de CV, obtidos para as variáveis massa média do fruto, espessura do pericarpo, comprimento do pedúnculo e do fruto e maior diâmetro do fruto, são classificados como medianos e bons, visto que essa classificação varia conforme a característica estudada. Finger et al., (2010), estudando 12 variáveis quantitativas de frutos de *Capsicum chinense*, encontraram valores de CV entre 5,3% e 36,82%; dentre estes, as variáveis comprimento e diâmetro do fruto e espessura do pericarpo foram similares aos aqui estudados. Dessa forma, os valores obtidos neste trabalho estão coerentes com a literatura estudada.

Tabela 7. Análise de variância para 16 características quantitativas de 55 acessos de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

FV	GL	QMalt	QMdc	QMdca	QMcfol	QMlfol	QMcfr	QMdiamfr	QMmmf
Trat	54	2371.3**	1026.28**	0.22**	1.89**	1.16**	1287.3**	202.56**	79.69**
Erro	195	110.07	91.18	0.04	0.68	0.19	47.22	11.99	2.76
Média		84.85	70.46	1.35	7.57	4.18	34.32	21.22	6.93
CV (%)		12.36	13.55	16.13	10.89	10.51	20.01	16.31	23.95
FV	GL	QMcped	QMeper	QMccot	QMdcot	QMdger	QMdflo	QMdfr	QMdmat
Trat	54	117.64**	0.71**	24.43**	2.44**	10.58**	405.11**	370.65**	1120**
Erro	195	4.52	0.1	0.78	0.2	0.01	57.12	47.95	125.47
Média		24.37	2.33	16.82	6.97	8.25	75.3	92.76	158.42
CV (%)		8.72	13.83	5.26	6.56	1.61	10.03	7.45	7.07

QM Quadrado médio; QMalt – QM da altura; QMdc – QM do diâmetro da copa; QMdca – QM do diâmetro do caule; QMcfol – QM do comprimento da folha; QMlfol – QM da largura da folha; QMcf – QM do comprimento do fruto; QMdiamfr – QM do diâmetro do fruto; QMmmf – QM da massa média do fruto; QMcped – QM do comprimento do pedúnculo; QMeper – QM da espessura do pericarpo; QMccot – QM do comprimento do cotilédone; QMdcot – QM do diâmetro do cotilédone; QMdger – QM dos dias para germinação; QMdflo – QM dos dias para floração; QMdfr – QM dos dias para frutificação; QMdmat – QM dos dias para maturação.

Pelo agrupamento Scott-Knott a 5% de probabilidade (Tabela 8), a variável massa média do fruto foi a que apresentou o maior número de classes (nove), com valores entre 1,044g a 18,61g, seguido das variáveis comprimento do fruto, do pedúnculo, do cotilédone e dias para germinação, que tiveram o mesmo número de classes, ou seja, oito classes. No entanto, a variável comprimento da folha teve três classes. A massa média do fruto é uma característica de interesse para produção de pimentas, pois, dentre outras funções, tem um papel importante na aceitação do produto pelo mercado consumidor (Singh et al., 2014). Resultados similares aos aqui encontrados para massa média de frutos foram obtidos por Castro e Dávila (2008), de 1,8 a 22,2 g e Lannes et al. (2007), de 0,9 a 19,1 g.

A variável altura da planta foi agrupada em sete classes, com plantas de 49 a 156 cm, ou seja, plantas de porte baixo, médio e alto. Lopes et al. (2016), realizando caracterização de acessos de *Capsicum chinense*, encontraram variação de 0,54 a 2,30 m para esta variável. O conhecimento dessa característica auxilia pesquisadores e produtores no planejamento do cultivo das pimentas, pois plantas mais baixas, normalmente, não precisam de tutoramento, gerando menor custo para o produtor. Essa característica influencia, também, na colheita, podendo reduzir a mão-de-obra.

O caráter diâmetro da copa permitiu a formação de quatro grupos, com variação de 44,18 a 123,25 cm. Bento et al. (2007), estudando acessos de *Capsicum* spp., encontraram variação de 44,17 a 180 cm para essa característica, e afirmaram que, no manejo de bancos e coleções de germoplasma, esse caráter deve ser levado em conta no planejamento do plantio, pois ele influencia, diretamente, na determinação do espaçamento a ser utilizado.

Os acessos UENF 1768, UENF 1770, UENF 2036, UENF 2154, 1736 e UENF 2129 apresentaram os maiores valores para a espessura do pericarpo, que variaram, dentre todos os acessos, de 1,38 a 3,08mm. Rêgo et al., (2011), avaliando espécies do gênero *Capsicum*, encontraram valores entre 0,04 e 1,3cm para essa característica. Casali et al., (1984) descobriram que o aumento da espessura da parede do fruto está relacionado à redução do rendimento de matéria seca. De acordo com os autores, o acúmulo de água pode ocorrer nas células dos tecidos de superfície internos à polpa de fruta.

As variáveis comprimento e diâmetro do fruto apresentaram oito e cinco classes, respectivamente, com variação de 7,85 a 84,93 mm para o comprimento do fruto e 8,99 a 34,44 mm para o diâmetro. Resultados próximos foram obtidos por Domenico et al. (2012), caracterizando acessos de pimenta de cheiro, que encontraram variação de 2,1 a 7,7 cm para comprimento dos frutos 1,1 a 2,5 cm para diâmetro dos mesmos. Jarret e Berke (2008) observaram variação de 0,8 a 11,4 cm para comprimento e de 0,6 a 4,0 cm para largura do fruto nos acessos avaliados. Em função dessa característica, pode-se distinguir o uso mais adequado para os acessos. Frutos do acesso UENF 2075, que apresentaram uma média de 7,85 mm de comprimento, podem ser utilizados na fabricação de molhos industriais, por exemplo, enquanto frutos do acesso UENF 2123, que apresentaram média de 84,93 mm de comprimento, podem ser comercializados *in natura* em feiras e mercados.

As características dias para germinação e maturação dos frutos apresentaram oito e seis classes, respectivamente, com uma variação de cinco a 11 dias para germinação e 73 a 95 dias para maturação. A desuniformidade na germinação das sementes é um dos desafios enfrentados pelos produtores de pimenta, influenciando, diretamente, na padronização da produção (Ferraz et al., 2016). Precocidade na germinação e menor tempo para maturação dos frutos influenciam nos gastos de mão-de-obra e na qualidade dos frutos de pimenteiros, pois quanto menor o tempo de maturação, menores as chances de contaminação dos frutos por patógenos. Esse conhecimento também permite que se planeje a colheita e comercialização dos frutos.

Tabela 8. Agrupamento das médias de 16 variáveis quantitativas dos 55 acessos de *C. chinense* pelo método de Scott-Knott a 5% de probabilidade. UENF, Campos dos Goytacazes, 2107.

Acessos	AP	DCO	DCA	DPG	DPFL	DPFR	DPM	CFR	DFR	MMF	CFC	DFC	CF	LF	CP	EP
UENF 1707	126.13c	111b	1.6b	9.2c	117.4a	92.2d	161.4d	11.57h	12.64e	3.4h	12.81g	6.21d	7.93b	3.82e	22.18f	2.06c
UENF 1708	86.9e	68.33c	1.99a	9.3c	83.33b	87.66d	147.33e	24.87f	13.19e	2.6i	18.67c	6.06d	7.76b	3.86e	24.83e	1.86d
UENF 1720	75.16e	73.46c	1.72b	9d	66.4d	80.8e	138.2f	27.23f	21.83c	5.48g	17.25d	6.72d	7.28c	3.38e	30.84c	2.64a
UENF 1721	109.32d	74.92c	1.77b	11 ^a	90b	115.25a	168d	41.82d	15.57d	5.45g	17.35d	6.96c	7.37c	3.62e	32.30b	2.31b
UENF 1722	110.22d	104.46b	2.08a	9d	76.6c	91.4d	167.4d	29.49f	23.10c	6.96f	18.62c	6.94c	7.78b	3.98d	27.68d	2.71a
UENF 1726	110.33d	78.65c	1.56b	11 ^a	89b	105b	188.6c	44.12d	17.93d	8.2f	15.72e	7.57b	7.64c	3.90d	29.93c	2.34b
UENF 1730	108.65d	63.36d	1.27d	7f	81b	95.8c	150.4e	81.45a	24.51c	12.08d	25.96a	7.99a	9.42a	4.98b	43.69a	2.28c
UENF 1736	71.47f	73.35c	1.45c	9d	92.5b	110.5b	192.25c	31.71e	28.00b	18.15a	16.17e	7.22c	8.17b	3.75e	29.97c	2.83a
UENF 1753	140.43b	103.32b	1.84b	9d	86.5b	94.5c	183.5c	45.36d	21.97c	11.5d	18.15c	7.23c	7.55c	3.73	24.06e	2.64a
UENF 1764	120.78c	81.76b	1.49c	9d	82.8b	96.8c	201.6b	44.45d	15.14e	4.24h	19.33b	7.02c	7.24c	3.7e	27.42d	1.83d
UENF 1765	82.46e	73.12c	1.68b	10b	63.2d	62.2f	135.2f	17.20g	19.07d	7.56f	15.76e	7.01c	7.16	3.54e	25.18e	2.28c
UENF 1768	85.76e	74.82c	1.38c	9d	71.4c	82.8e	139.2f	44.90d	26.10b	18.44a	15.42e	5.98e	7.72b	4d	26.01e	3.08a
UENF 1770	111.3d	98.04b	1.42c	9d	85.6b	98.4c	139.8f	46.82d	27.91b	10.68e	16.95d	6.44d	7.48c	3.88e	26.98d	3.00a
UENF 1787	155.77a	123.12a	1.42c	11 ^a	74.75c	122a	217.25a	18.44g	15.87d	11.45d	16.72d	6.31d	7c	3.67e	24.51e	1.99c
UENF 1788	85.75e	76.9c	1.29c	10b	93.5b	107b	200b	31.80e	26.08b	7.25f	14.90e	7.16c	7.97b	3.57e	33.26b	2.72a
UENF 1791	108.44d	74.86c	1.44c	10b	70.4d	80.2e	162d	17.08g	12.99e	7.68f	14.16f	5.81e	7.96b	3.80e	23.47f	2.09c
UENF 2036	113.1d	73.08c	1.46c	8e	84.2b	88d	154.6d	45.17d	24.51c	9.84e	19.73b	6.90c	9.51a	5.94a	34.32b	2.95a
UENF 2044	86e	66.44d	1.18d	7f	76.2c	95.8c	153.2e	31.40e	16.92d	4.68h	17.11d	6.60d	7.15c	3.96d	19.00g	2.43b
UENF 2051	85.68e	57.86d	1.18d	7f	75.6c	100.8c	157.8d	27.74f	30.75a	7.96f	17.04d	8.45a	6.89c	4.44c	24.78e	2.60a
UENF 2066	103.16d	57.8d	1.39c	8e	79.4c	100.6c	161.6d	30.52e	33.18a	8.73f	13.78f	6.76d	7.33c	4.46c	27.05d	2.73a
UENF 2073	49.82g	44.18d	0.96d	8e	70.4d	99c	163.2d	24.02f	26.87b	6.13g	16.26e	6.95c	7.02c	4.10d	23.29f	2.12c

Tabela 8 – Cont.

Acessos	AP	DCO	DCA	DPG	DPFL	DPFR	DPM	CFR	DFR	MMF	CFC	DFC	CF	LF	CP	EP
UENF 2074	69.01f	55.92d	1.43c	7f	74.8c	96.8c	150.2e	35.51e	23.72c	7.38f	19.04c	8.20a	6.9c	4.24d	24.39e	2.21c
UENF 2075	83.54e	80.28c	1.43c	8e	73.4c	103c	157d	7.85h	9.71e	1.04i	14.62e	6.73d	6.8c	3.57e	14.49h	1.51d
UENF 2078	70.98f	65.44d	1.2d	8e	71.2c	97.8c	158.4c	75.49b	21.69c	5.53g	18.89c	7.30b	8.07b	4.44c	24.27e	2.4b
UENF 2079	66.42f	58d	1d	11 ^a	67.5d	92.25d	153.25e	44.46d	13.34e	3.40h	12.80g	6.08d	6.87c	3.97d	22.22f	1.89d
UENF 2082	72.54f	52.2d	1.2d	8e	66.8d	101.2c	162d	27.01f	19.05d	4.29h	16.99d	6.69d	7.95b	4.36c	23.45f	2.34b
UENF 2083	54.5g	50.43d	1.16d	7f	79c	88.6d	147.6e	50.27d	21.74c	7.3f	17.56d	6.91	7.37c	4.11d	24.05e	2.31b
UENF 2085	71.02f	58.72d	1.12d	8e	75.6c	92.6d	159.8d	61.17c	19.75d	8.41f	17.12d	7.48b	7.47c	4.06d	26.77d	2.64a
UENF 2086	79e	52.76d	1.3c	7f	72.33c	107.66b	162.66d	37.15e	18.13d	5.72g	15.23e	8.03a	7.87b	4.79c	31.38c	1.95c
UENF 2087	73.32f	59.64d	1.24d	7f	70.4d	90.2d	159.2d	15.88g	15.02e	2.62i	18.07c	7.26c	7.57c	3.77e	19.04g	1.74d
UENF 2091	76.56e	66.06c	1.28d	7f	68.33d	86.33d	156d	16.99g	13.77e	1.79i	15.73e	7.43b	7.53c	4.34c	23.75e	1.86d
UENF 2093	64.95f	54.87d	1.02d	9d	63.75d	77.75e	136.75f	42.73d	13.22e	2.71i	18.02c	6.91c	6.54c	3.85c	21.20f	1.96c
UENF 2097	66.4f	67.26c	1.27d	9d	65.66d	86d	138f	59.64c	34.44a	18.61a	17.57d	6.21d	8.16b	4.56c	25.81e	2.72a
UENF 2100	84.12e	81.07c	1.11d	7f	72.5c	90.75d	150.5e	29.98f	18.99d	3.50h	18.76c	6.25d	7.84b	4.27d	23.46f	2.52b
UENF 2101	65.07f	71.22c	1.11d	10b	67d	84.75e	143.5f	44.6d	16.80d	5.47g	16.17e	5.25e	7.08c	3.60e	24.14e	2.68a
UENF 2106	71.22f	63.86d	1.22d	6g	72.6c	94.6c	153e	23.07g	20.50d	4.87h	15.53e	6.22d	7.39c	4.2d	23.09f	2.18c
UENF 2107	58.62g	63.5d	1.13d	6g	73.2c	88.4d	151e	22.18g	33.47a	9.64e	13.75f	5.68e	7.57c	4.45c	22.98f	2.56b
UENF 2110	59.16g	61.3d	1.5c	5h	68d	82.8e	150.8e	25.99f	32.34a	11.17d	18.93c	7.87a	8.83a	5.1b	19.99g	2.58a
UENF 2111	50.54g	64.32d	1.1d	10b	76.8c	94.4c	159.6d	13.09h	8.99e	1.11i	10.1h	5.38e	7.59c	5.23b	16.62h	1.38d
UENF 2112	79.58e	75.64c	1.33c	9d	67d	83.8e	154d	56.67c	32.57a	16.44b	20.20b	6.31d	8.51b	4.73c	24.70e	2.64a
UENF 2113	99.5d	78.35c	1.42c	10b	74c	90.75d	152.75e	22.20g	15.95d	2.47i	16.21e	7.36b	7.67c	4.13d	19.78g	1.84d

Tabela 8 – Cont.

Acessos	AP	DCO	DCA	DPG	DPFL	DPFR	DPM	CFR	DFR	MMF	CFC	DFC	CF	LF	CP	EP
UENF 2115	82.92e	76.64c	1.3c	8e	65.4d	91.8d	160.4d	21.26g	17.17d	3.65h	17.05d	7.15c	6.54c	3.79e	14.99h	1.91d
UENF 2116	70.28f	53.42d	1.33c	8e	73c	93.2d	162.2d	34.56e	27.00b	7.68f	18.29c	8.13a	6.81c	4.12d	25.93e	2.61a
UENF 2118	110.68d	76.38c	1.24d	9d	66d	82.8e	152e	35.53e	23.06c	4.03h	16.81d	7.56b	7.33c	4.67c	23.96e	1.96c
UENF 2123	72.63f	68.73c	1.26d	10b	79.33c	92.66d	162.66d	84.93a	23.52c	14.48c	17.20d	7.20c	8.96a	5.15b	28.51d	2.74a
UENF 2129	86.22e	69.2c	1.4c	5h	79.2c	94.4 c	158.2d	27.49f	32.55a	8.24f	18.00c	7.62b	7.31c	4.41c	22.73f	2.81a
UENF 2130	83.35e	72.07c	1.26d	9d	70.75d	85.25e	150.5e	32.62e	22.34c	4.75h	16.58d	7.64b	7.44c	3.92d	16.54h	2.46b
UENF 2131	52.8g	61.05d	1.21d	9d	75.25c	90.75d	152e	55.34c	27.58b	10.05e	17.7d	7.63b	8.1b	4.83c	26.4e	2.00c
UENF 2133	81.34e	72.76c	1.31c	8e	66.2d	82.4e	153.8d	26.13f	17.67d	3.21h	15.62e	7.49b	6.95c	4.05d	19.84g	2.18c
UENF 2134	79.32e	76.57c	1.29c	9d	67.75d	79.75e	145.75e	20.69g	11.56e	2.17i	16.66d	6.5d	7.02c	4.24d	18.01g	1.63d
UENF 2135	57.46g	68.5c	1.31c	6g	73c	93.6d	161.2d	35.94e	29.35a	9.77e	17.51d	7.47b	7.27c	4.35c	21.20f	2.46b
UENF 2137	70.86f	55.28d	1.23d	8e	75.4c	95.6c	157.8d	11.39h	15.59d	1.9i	15.97e	6.24d	7.87b	4.26d	22.62f	2.06c
UENF 2140	113.68d	69.8c	1.3c	7f	73.4c	91d	151e	41.30d	18.18d	5.38g	16.15e	7.21c	6.7c	3.55e	24.15e	2.24c
UENF 2153	93.8e	67.46c	1.43c	8e	65d	90.33d	149.66e	27.47f	13.34e	2.62i	16.79d	7.06c	8.25b	4.6c	19.91g	2.32b
UENF 2154	66.56f	61.82d	1.47c	5h	78.4c	95c	161d	25.25f	21.15d	4.84h	15.42e	8.07a	7.78b	4.32c	22.46f	2.85a

AP – altura da planta; DCO – diâmetro da copa; DCA – diâmetro do caule; DPG – dias para germinação; DPFL – Dias para floração; DPFR – dias para frutificação; DPM – dias para maturação; CFR – comprimento do fruto; DFR – diâmetro do fruto; MMF – massa média do fruto; CFC – comprimento da folha cotiledonar; DFC – diâmetro da folha cotiledonar; CF – comprimento da folha; LF – largura da folha; CP – comprimento do pedúnculo; EP – espessura do pericarpo.

De acordo com o método proposto por Singh (1981), utilizado para avaliar a contribuição relativa dos 16 caracteres quantitativos avaliados (Tabela 9), o descritor que mais contribuiu para a diferenciação dos genótipos foi o diâmetro do fruto (9,83%), seguido de dias para germinação (9,1%), massa média do fruto (8,84%) e espessura do pericarpo (7,76%). Bianchi et al., (2016), avaliando acessos de *Capsicum* spp., também identificaram o diâmetro do fruto como a característica que mais contribuiu para a divergência genética dos acessos. Em estudos conduzidos com *Capsicum*, Sudré et al. (2005) verificaram que as características de maior importância para a divergência foram o comprimento e diâmetro do fruto, o peso médio do fruto e o peso de mil sementes, concordando com os resultados aqui encontrados.

Tabela 9. Contribuição relativa de 16 características quantitativas de *C. chinense* para divergência genética pelo método de Singh. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Variável	Contribuição Relativa (%)
Diâmetro do fruto (mm)	9,83%
Dias para germinação	9,1%
Massa média do fruto (g)	8,84%
Espessura do pericarpo (mm)	7,76%
Diâmetro do cotilédone (mm)	7,38%
Comprimento do fruto (mm)	6,77%
Comprimento da folha (cm)	6,67%
Altura da planta (cm)	6,59%
Diâmetro do caule (cm)	5,77%
Largura da folha (cm)	5,52%
Dias para maturação	5,46%
Largura da copa (cm)	5,12%
Dias para o florescimento	4,27%
Comprimento do pedúnculo (mm)	4,22%
Dias para frutificação	3,79%
Comprimento do cotilédone (mm)	2,85%

A presença de correlações entre as variáveis foi analisada com o coeficiente de correlação de Pearson. Foram encontradas altas correlações (Tabela 10) para as características altura da planta e diâmetro da copa (75%), diâmetro do fruto e espessura do pericarpo (71%), dias para frutificação e maturação (70%) e correlação moderada para diâmetro do fruto e massa média de fruto (69%), espessura do pericarpo e massa média de fruto (66%) e comprimento e diâmetro da folha (64%). Lannes et al., (2007), em estudos com *C. chinense*, relataram uma relação positiva entre o peso do fruto e espessura do pericarpo, ressaltando a importância dessas características no desenvolvimento de variedades para o mercado de produtos frescos, uma vez que frutos com pericarpo mais grossos são mais resistentes a danos na gestão pós-colheita e transporte. Rêgo et al., (2009) sugerem melhoramento de plantas através da seleção simples para essas variáveis, uma vez que são determinadas por efeitos aditivos genéticos.

Correlações negativas moderadas foram encontradas para dias para germinação e diâmetro do fruto (-39%), dias para germinação e diâmetro da folha cotiledonar (-38%) e largura da folha e diâmetro da copa (-31%).

Esse coeficiente é uma medida de associação linear entre duas variáveis quantitativas, em que uma característica pode ser selecionada com base em outra. Segundo Cruz et al., (1988), o conhecimento da correlação entre características é importante, pois quantifica a possibilidade de ganhos indiretos por seleção em caracteres correlacionados, por serem úteis no estabelecimento de índices de seleção e na avaliação da complexibilidade das variáveis em estudo. De acordo com Rêgo et al. (2006), esse conhecimento é de grande importância nos trabalhos de melhoramento, principalmente quando a seleção de uma característica apresenta dificuldades em virtude da baixa herdabilidade, ou tenha problemas durante a medição e identificação.

Tabela 10. Correlações entre as variáveis independentes obtidas pelo coeficiente de correlação de Pearson. Campos dos Goytacazes, UENF, 2017.

	AP	DCO	DCA	CF	DF	CFR	DFR	MMF	CPE	EPE	CCOT	DCOT	DPGER	DPFL	DPFR	DPMAT
AltPlanta	1.00	0.75	0.52	0.076	-0.21	-0.018	-0.17	0.08	0.29	0.045	0.14	-0.019	0.35	0.43	0.26	0.43
DiâmCopa		1.00	0.57	0.031	-0.31	-0.14	-0.17	0.11	0.03	0.049	-0.043	-0.25	0.41	0.41	0.14	0.37
DiâmCaule			1.00	0.14	-0.25	-0.16	-0.034	0.109	0.23	0.18	0.14	0.077	0.21	0.34	0.018	0.17
CompFol				1.00	0.64	0.39	0.26	0.43	0.51	0.32	0.38	0.003	-0.059	0.25	-0.034	0.014
DiâmFol					1.00	0.29	0.33	0.20	0.17	0.11	0.21	0.13	-0.30	-0.07	-0.09	-0.18
CompFru						1.00	0.33	0.49	0.55	0.36	0.55	0.23	0.065	0.026	0.016	-0.069
LargFruto							1.00	0.69	0.32	0.71	0.304	0.29	-0.39	-0.015	0.009	-0.079
Massmédiافر								1.00	0.48	0.66	0.29	0.035	0.047	0.11	0.070	0.088
CompPed									1.00	0.43	0.47	0.19	0.15	0.34	0.23	0.18
EspePeric										1.00	0.24	0.12	-0.204	0.15	-0.005	-0.075
CompCoti											1.00	0.45	-0.24	-0.096	-0.047	-0.049
DiâmCot.												1.00	-0.38	0.007	0.15	0.11
DiasGerm													1.00	0.15	0.085	0.25
DiasFlor.														1.00	0.46	0.44
DiasFrutific															1.00	0.7
DiasMatur																1.00

AP – altura da planta; DCO – diâmetro da copa; DCA – diâmetro do caule; CF – comprimento da folha; DF – diâmetro da folha; CFR – comprimento do fruto; DFR – diâmetro do fruto; MMF – massa média do fruto; CPE – comprimento do pedúnculo; EPE – espessura do pericarpo; CCOT – comprimento do cotilédone; DCOT – diâmetro do cotilédone; DPGER – dias para germinação; DPFL – dias para o florescimento; DPFR – dias para frutificação; DPMAT – dias para maturação.

5.1.3. Análise conjunta das variáveis morfoagronômicas

O agrupamento dos acessos representado pelo dendrograma (Figura 4) e fenótipo dos frutos (Figura 5) permitiu a distinção de seis grupos com um ponto de corte de aproximadamente 0,55.

O grupo I é formado por quatro acessos, que possuem frutos com quatro lóculos, superfície semi-enrugada e de coloração laranja quando imaturos. Eles apresentaram o mesmo tempo de germinação (nove dias). O grupo II reuniu seis acessos que apresentaram flores na posição ereta e cotilédone e caule de coloração roxa, evidenciando o acúmulo de antocianina, observada desde a fase de plântula.

O grupo III alocou 21 acessos, todos com anteras de coloração roxa e fruto de superfície lisa e pungentes. A pungência é uma característica marcante de pimentas, principalmente aquelas da espécie *C. chinense*; de forma geral, as pimentas do gênero *Capsicum* são consideradas o condimento picante mais importante do mundo, sendo consumido por um quarto da população mundial (Carvalho et al., 2006).

O quarto grupo reuniu nove acessos, todos com frutos imaturos de coloração verde e frutos maduros de coloração laranja, exceto o acesso 1730, que apresentou frutos de coloração chocolate quando maduros. Esses acessos levaram de sete a nove dias para germinar, apresentaram caules com diâmetro variando de 0,96 a 1,33 mm e hábito de crescimento do tipo determinado. Segundo Pino et al. (2007), variedades que produzem frutos de cores laranja e marrom apresentam melhor composição química relacionada ao aroma do que variedades de frutos vermelhos. A coloração laranja está comumente relacionada às pimentas de cheiro, que são conhecidas por seu aroma e sabor, sendo muito apreciadas na culinária brasileira, e o seu consumo está relacionado com hábitos e costumes alimentares de cada país ou região. No norte do Brasil, por exemplo, ela é uma das mais consumidas (Chaves e Furtado, 2015).

Sete acessos formaram o grupo V, que apresentaram frutos vermelhos no estágio maduro, com formatos alongados e triangulares e com pescoço na base. Esses acessos apresentaram frutos com uma pequena variação de comprimento (35.53 a 44.46 mm), sendo o acesso UENF 2079 o de maior comprimento e o acesso UENF 2118 o de menor. O grupo VI alocou oito acessos, que

apresentaram plantas com hábito de crescimento do tipo intermediário, frutos sem pescoço na base e com três lóculos. Esses acessos possuíam plantas com alturas intermediárias, apresentando uma variação de 58,62 cm (UENF 2107) a 86,22 cm (UENF 2129).

Neto et al. (2014), avaliando pimentas ornamentais, obtiveram a formação de oito grupos distintos pelo método de Tocher. Moura et al. (2010), avaliando a divergência de acessos de pimentas, obtiveram a formação de seis grupos distintos pelo método UPGMA. Baba et al. (2015), avaliando pimentas da espécie *C. chinense*, encontraram a formação de dois grupos distintos pelo método de Ward. Sudré et al., (2005), trabalhando com caracterização de acessos de *Capsicum spp.*, obtiveram 11 grupos distintos pelo método do vizinho mais próximo e afirmaram a importância de se realizar caracterização morfoagronômica, reunindo características qualitativas e quantitativas, a fim de se conhecer as diferenças e semelhanças entre os acessos.

Não foram identificadas duplicatas nos acessos, com base nas características morfoagronômicas, e o conhecimento da dissimilaridade dos acessos é uma ferramenta valiosa para os curadores de bancos de germoplasma, pois, segundo Leite (2014), a consistência dos grupos auxilia na identificação de indivíduos semelhantes e divergentes, dentro e entre grupos, tornando possível a identificação de genitores geneticamente distantes para obtenção de híbridos superiores, aumentando a probabilidade de ocorrência de segregantes superiores em gerações avançadas, ampliando a base genética.

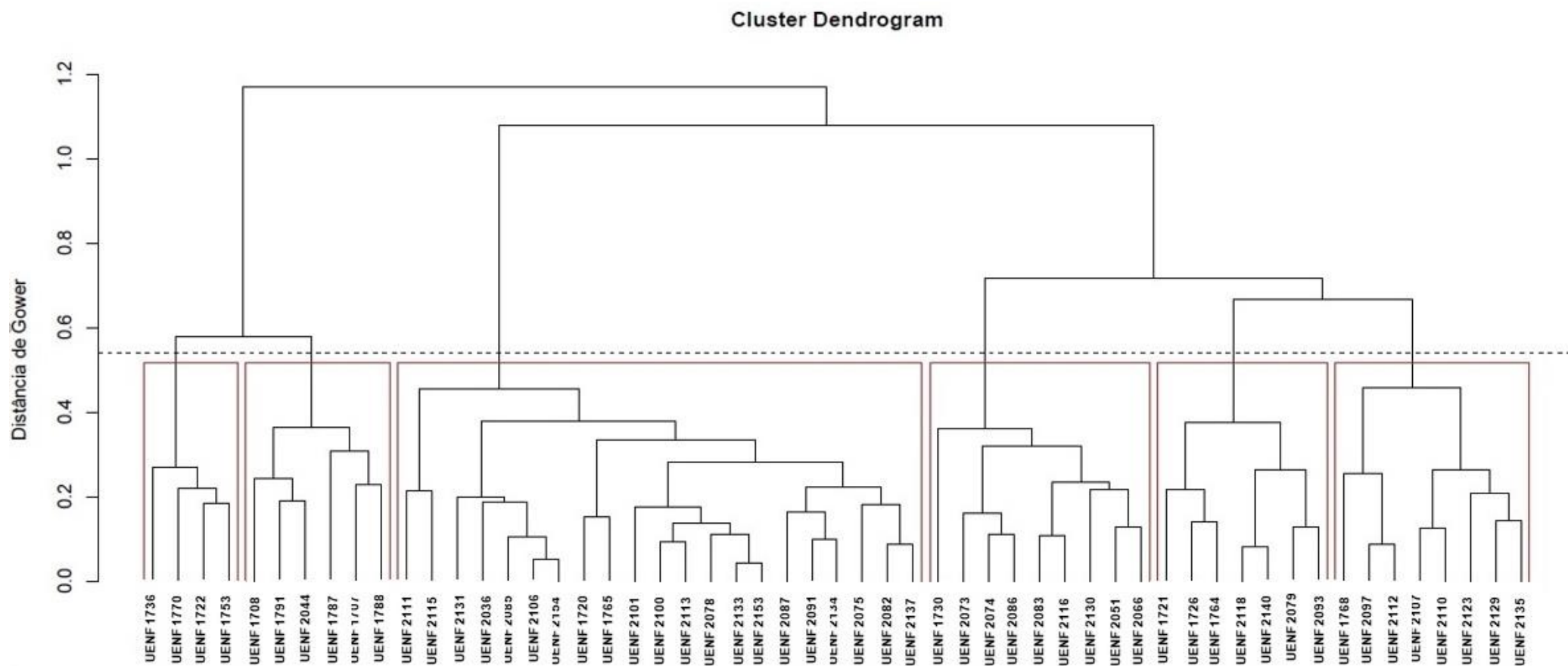


Figura 4. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 55 acessos de *Capsicum chinense*, obtido pelo método WARD-MLM, com base nas variáveis morfoagronômicas. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

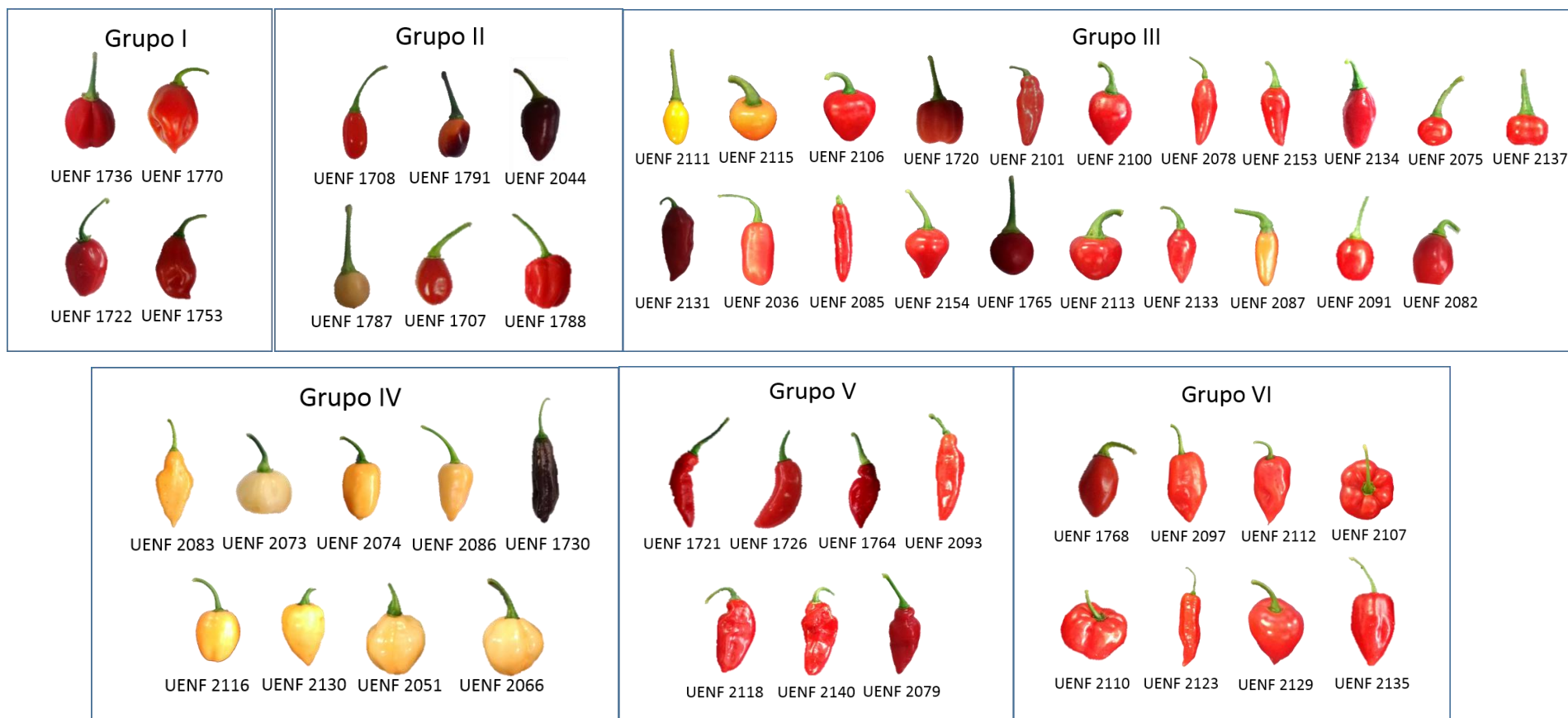


Figura 5. Representação fenotípica dos frutos alocados nos grupos do dendrograma referente às análises morfoagronômicas. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

5.2. Análise dos dados moleculares

5.2.1. Marcadores ISSR

Foram testados 35 iniciadores ISSR; destes, 18 tiveram suas temperaturas de anelamento otimizadas sendo selecionados e avaliados quanto ao número de bandas geradas e ao polimorfismo verificado para essas bandas e, então, utilizados na genotipagem dos acessos (Figura 6); destes, três não detectaram polimorfismo nos acessos estudados, enquanto os outros 15 demonstraram polimorfismo nítido naqueles (Tabela 11). Foi verificada a presença de um total de 97 marcas, sendo 46 polimórficas. O maior polimorfismo foi registrado quando se utilizou o iniciador 9 com 8 bandas polimórficas.

Contrastando com o aqui encontrado, Moulin (2013), utilizando 35 iniciadores do tipo ISSR em mapeamento de *C. baccatum* var. *pendulum*, obteve um total de 201 locos polimórficos. Campos (2014), caracterizando 81 acessos de *Capsicum* spp. com 13 marcadores ISSR, obteve um total de 88 locos amplificados, sendo 80 deles polimórficos. Dias et al., (2013) obtiveram um total de 364 bandas, sendo 323 polimórficas, entretanto, esses autores caracterizaram quatro espécies diferentes de pimenta e utilizaram um acesso de tomate como testemunha, o que justifica o elevado polimorfismo obtido devido à divergência entre as espécies. No presente trabalho, todos os acessos avaliados são da espécie *Capsicum chinense*.

Determinadas marcas específicas foram encontradas para os diferentes acessos, o que destaca a variabilidade genética. Não foram observadas duplicatas entre os acessos, sendo todos distintos com base no número de marcas identificadas. A não identificação de duplicatas em bancos de germoplasma encarece e dificulta a manutenção adequada do material, ocasionando problemas referentes à organização e potencial uso dos recursos genéticos (Gonçalves et al., 2008). Thul et al., (2011), trabalhando com 22 acessos de pimenta caracterizados por 13 iniciadores ISSR, também não detectaram duplicatas em seu banco de germoplasma.

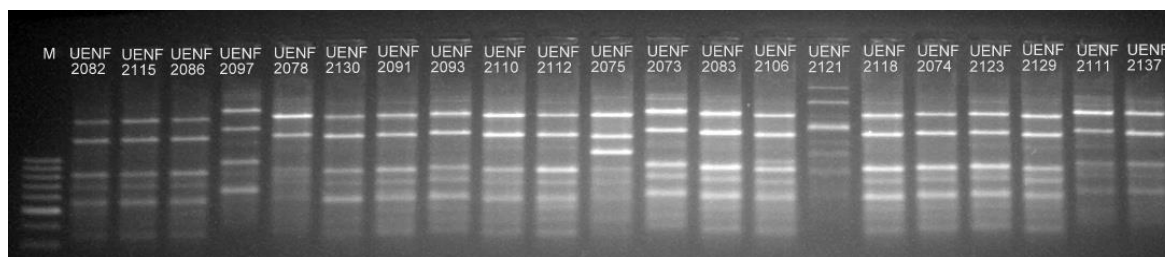


Figura 6. Amostra representativa de gel de Agarose a 2%. Fragmentos de DNA amplificados utilizando o iniciador ISSR 23. (M – marcador de peso molecular). Campos dos Goytacazes, UENF, 2017.

Tabela 11. Iniciadores ISSR utilizados na genotipagem de 55 acessos de *C. chinense*. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

Identificação do Primer	Sequência (5'-3')	Nº de locos amplificados	Nº de locos polimórficos
4	(GTG) ₃ GC	9	4
5	(AG) ₈ YT	5	4
6	(AC) ₈ CG	7	4
7	(AC) ₈ CT	3	2
9	(TG) ₈ GG	9	8
11	(GGAT) ₃ GA	5	3
12	(GAA) ₆ AA	7	4
17	(AC) ₈ T	5	0
19	(AG) ₈ YA	2	0
20	(GA) ₈ YT	3	1
23	(CA) ₈ CYG	8	3
25	(ATG) ₆	4	2
41	(TC) ₈ AGG	2	1
50	(AC) ₈ C	6	4
51	(ATC) ₆ T	5	3
57	(GA) ₉ T	4	0
75	(AC) ₈ G	7	2
81	(GA) ₈ YG	6	1

Foi utilizada a análise bayesiana para classificar os acessos. Dessa forma, o maior valor de ΔK (Figura 7) foi obtido quando dois *clusters* foram formados, indicando que a estrutura genética é mais provável dividindo todos os genótipos em dois grupos (Figura 8). Nunes et al. (2013), avaliando a diversidade genética de morangos via marcadores ISSR, também encontraram a formação de dois grupos pela análise bayesiana.

Os resultados demonstram a estruturação genética dos acessos estudados a partir do compartilhamento de alelos, sendo o grupo I, identificado pela cor vermelha, composto por 50 acessos e o grupo II, indicado pela cor verde, composto por cinco acessos. Os grupos não reuniram acessos com características morfoagronômicas exclusivas.

Considerando as diferentes origens dos acessos, os *loci* de marcadores ISSR não possibilitaram discriminá-los segundo sua procedência, mas demonstraram grande eficácia em distingui-los segundo sua variabilidade genética.

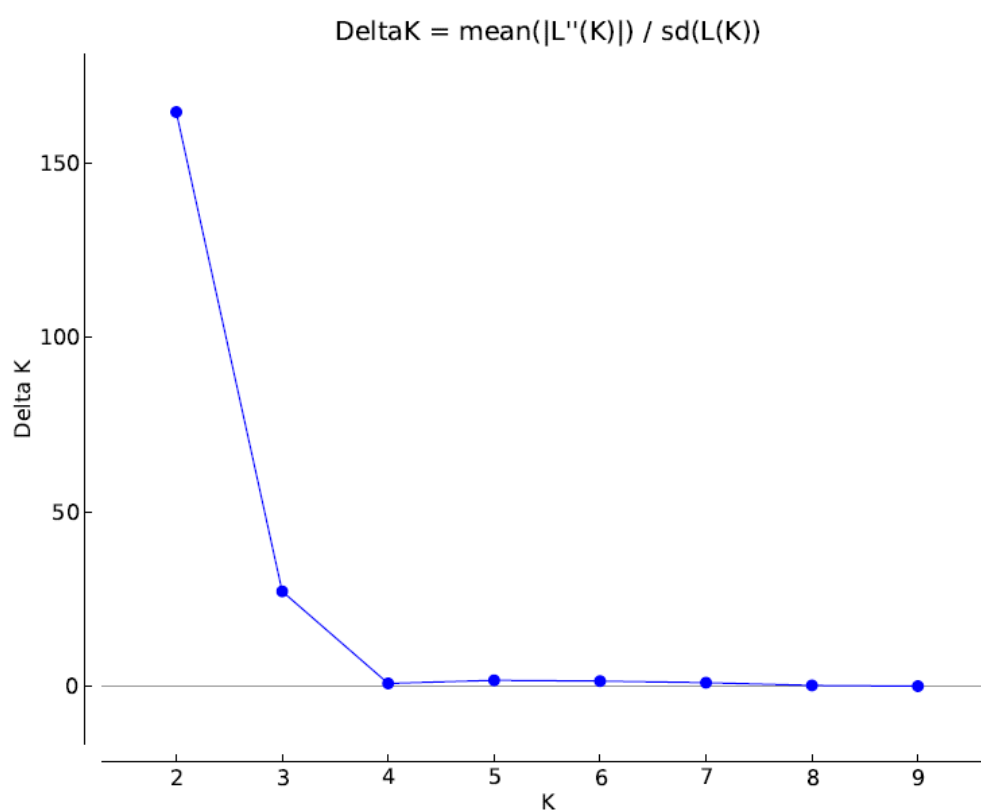


Figura 7. Gráfico de pico do ΔK indicando o número ótimo de *clusters* genéticos para a análise Bayesiana obtida pelo programa *Structure* 2.3.4. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

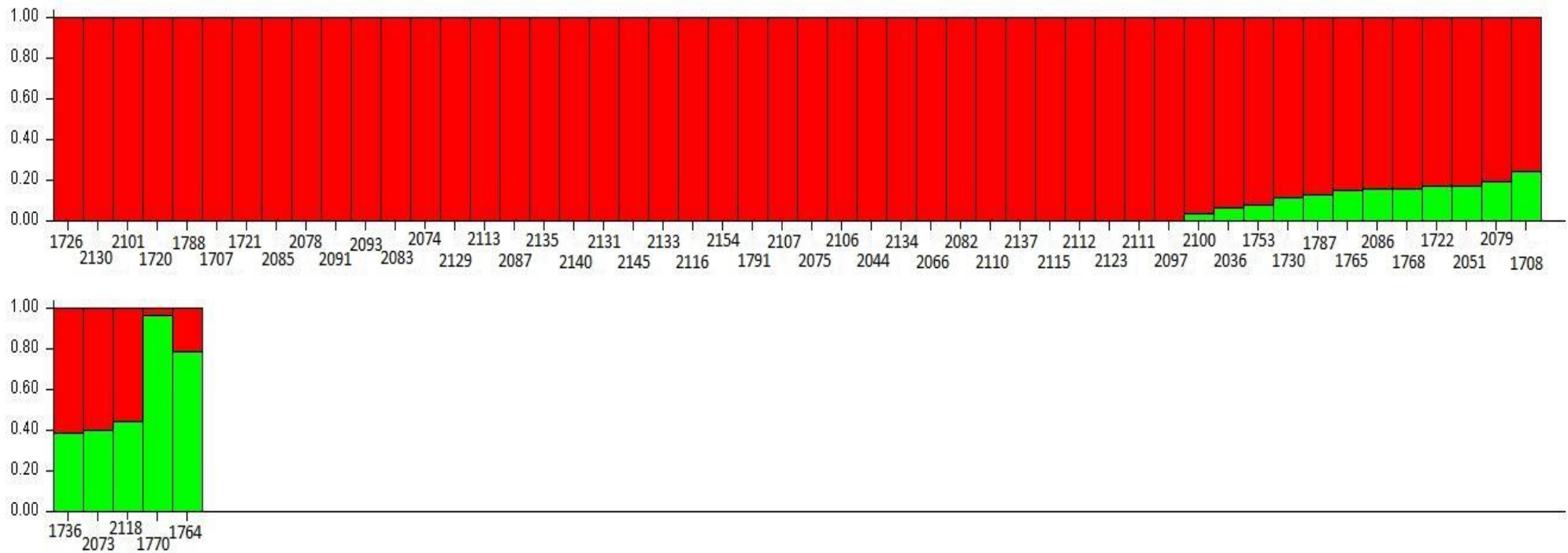


Figura 8. Estimativas da estrutura genética para 55 acessos de *C. chinense* por 18 iniciadores ISSR. Os acessos são representados na linha horizontal e cada grupo genético é representado por uma cor. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

5.2.2. Marcadores microssatélites

Foram testados 47 pares de iniciadores microssatélites, desenvolvidos e otimizados para mapeamento de *C. annuum* (Minamiyama et al., 2006), apenas 17 foram amplificados e 9 foram considerados polimórficos em *C. chinense*, equivalendo a uma taxa de transferibilidade de aproximadamente 36,17%.

A percentagem de transferibilidade deste trabalho foi próxima da encontrada por Carvalho et al. (2015), que obtiveram, em *C. chinense*, 31% de transferibilidade de iniciadores microssatélites desenvolvidos para *C. annuum*.

A transferibilidade de marcadores microssatélites entre espécies vegetais aparentados e, até mesmo, entre gêneros da mesma família tem sido avaliada como uma estratégia bastante oportuna devido ao gasto de tempo e alto custo financeiro para o desenvolvimento desses marcadores (Carvalho et al., 2015). De acordo com Buso et al. (2016), a capacidade de se utilizarem os mesmos iniciadores microssatélites em diferentes espécies de plantas depende da extensão na qual os sítios desses iniciadores que flanqueiam essas regiões são conservados. Nota-se que a capacidade de transferência cruzada de marcadores microssatélite em *Capsicum* é alta, indicando que existe um elevado nível de conservação de sequências dentro das regiões iniciadoras das espécies do gênero.

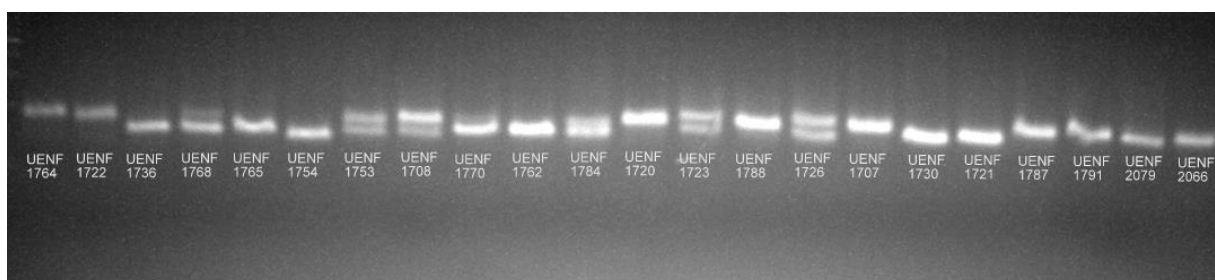


Figura 9. Amostra representativa de gel de agarose Metaphor a 4%. Fragmentos de DNA amplificados, utilizando-se o loco microssatélite CB-164897. Campos dos Goytacazes, UENF, 2017.

O conteúdo de informação polimórfica (PIC) variou de zero (CAN-130829, GP-1102, CM-0008, CAMS-051, CAMS-191) a 0,375 (CM-005, 344, CM-0010), com média de 0,174 (Tabela 12). De acordo com Xie et al. (2010), o polimorfismo dos locos pode ser considerado alto (>0,5), médio (entre 0,5 e 0,25) ou baixo

(<0,25). Dessa forma, para os *loci* analisados no presente trabalho, o PIC observado variou entre baixo e médio. Segundo Cruz et al. (2011), quanto maior o número de alelos, mais o valor de PIC se aproximará da heterozigosidade esperada. Esse conhecimento do conteúdo de informação do polimorfismo é necessário, pois permite que se tenha uma estimativa do poder discriminatório de um loco, levando em consideração não apenas o número de alelos que são expressos, mas também as frequências relativas desses alelos (Weir, 1996; Rana et al., 2013). Valores de PIC, entre 0,27 a 0,66, foram encontrados por Patel et al., (2011) em *C. annuum*.

O número de alelos por loco variou de um (CAN-130829, GP-1102, CM-0008, CAMS-051, CAMS-191) a dois (TES-402, CAMS-888, CM-005, 344, CA-505155, CB-164897, CACCFL1i, CM-0006, CM-0010, CAMS-089, CAMS-081, CAMS-095), com uma média de 1,7 alelos, obtendo-se um total de 29 alelos para os 17 locos analisados. Villela et al. (2014), analisando 20 acessos de variedades crioulas de pimentas com oito locos microssatélites, identificaram 43 alelos. A média do número de alelos por loco foi de cinco, variando de três a oito. Buso et al. (2016), trabalhando com transferibilidade de iniciadores SSR entre espécies do gênero *Capsicum*, encontraram variação de 2 a 11 alelos por loco, com uma média de seis alelos. Esses autores afirmaram que quanto maior o número de alelos detectados por um marcador, maior sua utilidade.

Os valores de heterozigosidade esperada variaram de zero (CAN-130829, GP-1102, CM-0008, CAMS-051, CAMS-191) a 0,5 (CM-005, 344, CM-0010), apresentando média de 0,221. A heterozigosidade observada variou de zero (TES-402, CAN-130829, GP-1102, CA-505155, CM-0008, CM-0006, CAMS-051, CAMS-191) a um (CM-005, 344, CM-0010), com uma média de 0,225. Ulhoa et al. (2014), trabalhando com pimentas jalapeño amarela, encontraram 73% dos iniciadores em homozigose e os demais apresentaram valor de heterozigose entre 0,05 e 0,73. Pacheco-Olvera et al. (2012), avaliando *C. annuum*, observaram valores de 0,47 e 0,22 para H_e e H_o , respectivamente. Carvalho et al. (2015), avaliando acessos de *C. chinense* e *C. frutescens*, observaram um baixo número de alelos e maior homozigose para *C. frutescens*; isso foi relacionado à baixa variabilidade genética.

Os valores de H_e e H_o apresentaram médias próximas, porém a heterozigosidade observada foi maior que a esperada, indicando um elevado

número de indivíduos heterozigotos, possivelmente devido à ocorrência de polinização cruzada, característica atípica para a espécie, uma vez que *C. chinense* é considerada, predominantemente, autógama.

Tabela 12. Caracterização dos 17 locos analisados na análise molecular. Campos dos Goytacazes, UENF, 2017.

Loco	A	Nº de alelos	He	Ho	PIC
TES-402	0,981	2	0,035	0,000	0,035
CAMS-888	0,800	2	0,320	0,400	0,268
CM-005	0,500	2	0,500	1,000	0,375
344	0,500	2	0,500	1,000	0,375
CAN-130829	1,000	1	0,000	0,000	0,000
GP-1102	1,000	1	0,000	0,000	0,000
CA-505155	0,745	2	0,379	0,000	0,307
CB-164897	0,685	2	0,431	0,185	0,338
CACCFL1i	0,972	2	0,053	0,018	0,051
CM-0008	1,000	1	0,000	0,000	0,000
CM-0006	0,907	2	0,168	0,000	0,153
CM-0010	0,500	2	0,500	1,000	0,375
CAMS-089	0,783	2	0,339	0,018	0,282
CAMS-051	1,000	1	0,000	0,000	0,000
CAMS-081	0,537	2	0,497	0,169	0,373
CAMS-191	1,000	1	0,000	0,000	0,000
CAMS-095	0,981	2	0,035	0,036	0,035
Média	0,817	1,7	0,221	0,225	0,174

A – alelo de maior frequência; He – heterozigosidade esperada; Ho – heterozigosidade observada; PIC – conteúdo de informação polimórfica.

Foi utilizada a análise bayesiana para classificar os acessos, considerando-se os dados moleculares. Esse procedimento estatístico é considerado robusto e possui numerosas possibilidades de aplicação (Pritchard et al., 2000). Dessa forma, o maior valor de ΔK (Figura 10) foi obtido quando dois *clusters* foram formados, obtendo-se os grupos I e II (Figura 11). Esse método possui vantagens em relação a outros, principalmente relacionado à distância genética, que pode

produzir atribuições precisas, usando-se números baixos de locos (Leite et al., 2016).

Baba et al. (2015), avaliando acessos de *C. chinense*, obtiveram dois grupos distintos pela análise bayesiana, não observando correlação entre a morfologia dos frutos e sua localização geográfica. Moses et al. (2014), estudando a diversidade genética de acessos de *C. chinense*, utilizando marcadores microsatélites, observaram a formação de dois *clusters* genéticos distintos, correspondentes às regiões do alto e baixo Amazonas, sugerindo dois eventos de domesticação independentes ou dois centros de diversidade nessas regiões.

Ao contrário da literatura citada, os acessos aqui avaliados não foram agrupados segundo sua procedência. O grupo I (vermelho) reuniu 41 acessos, que possuem, em sua maioria, hábito de crescimento do tipo ereto, enquanto o grupo II (verde) reuniu 14 acessos, predominantemente de coloração vermelha quando maduros e pungentes. Andrade et al. (2016), analisando a diversidade genética em feijão-de-vagem via marcadores AFLP, obtiveram dois *clusters* distintos pela análise bayesiana, sendo o grupo I formado pela maioria dos acessos com hábito de crescimento indeterminado, enquanto o grupo II foi formado por acessos com hábito de crescimento determinado.

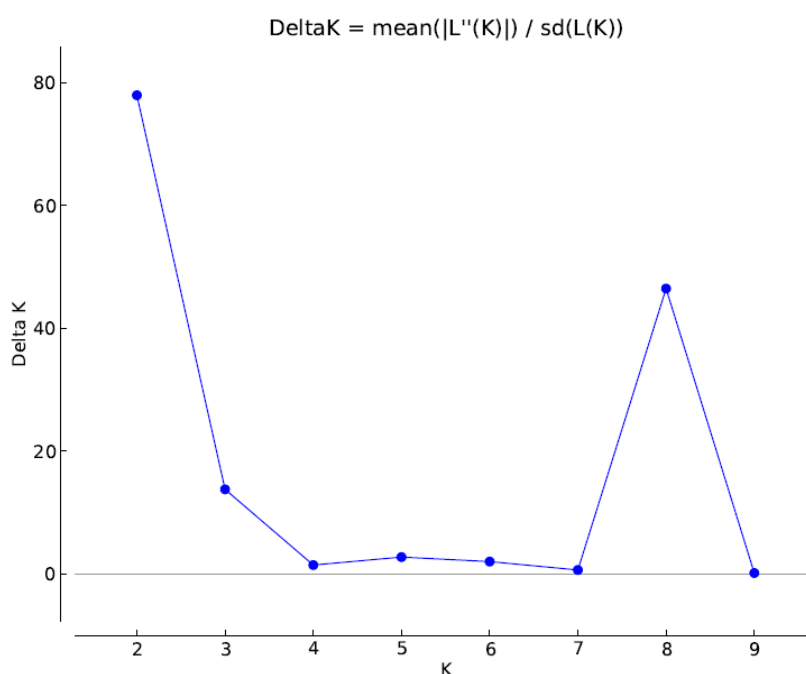


Figura 10. Gráfico de pico do ΔK indicando o número ótimo de *clusters* genéticos para a análise Bayesiana obtida pelo programa *Structure* 2.3.4. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

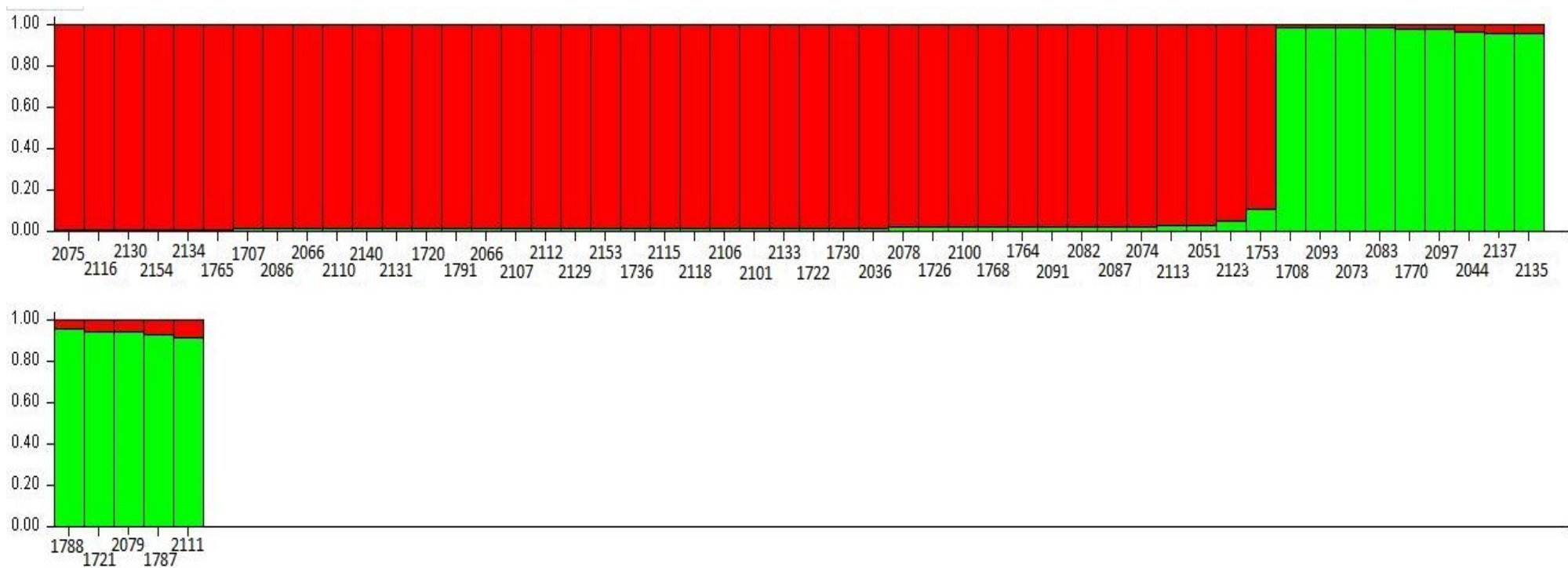


Figura 11. Estimativas da estrutura genética para 55 acessos de *C. chinense* por 17 iniciadores microssatélites. Os acessos são representados na linha horizontal e cada grupo genético é representado por uma cor. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

5.2.3. Análise conjunta dos marcadores ISSR e microssatélite

O agrupamento dos acessos representado pelo dendrograma (Figura 12) permitiu a distinção de seis grupos com um corte feito a, aproximadamente, 0,25 de altura.

O grupo I alocou 11 acessos, que possuem similaridade quanto à coloração do fruto maduro, com predominância na variação da coloração vermelha. O grupo II, composto por 17 acessos, possui semelhança quanto a seu hábito de crescimento.

O terceiro grupo reuniu nove acessos que possuem as flores na posição intermediária, enquanto o grupo IV alocou seis acessos com presença de capsaicina. O grupo V é formado por seis acessos, que possuem em comum o formato triangular do fruto e o grupo VI reuniu seis acessos que possuem duas flores por nó.

As características em comum dentre os acessos alocados em um grupo não são, de fato, o motivo pelo qual eles foram agrupados, pois os marcadores utilizados não são específicos para determinadas características. O agrupamento dos acessos com base nos marcadores moleculares diferiu do agrupamento a partir das variáveis morfoagronômicas e das análises bayesianas de ambos os marcadores moleculares.

Do mesmo modo que os demais agrupamentos, este não reuniu, no mesmo grupo, acessos de mesma procedência. Isso se dá, possivelmente, devido ao intenso intercâmbio de pimentas, seja através de trocas por agricultores, pelo tempo que cada família cultivava uma mesma variedade ou pelo comércio em feiras e mercados.

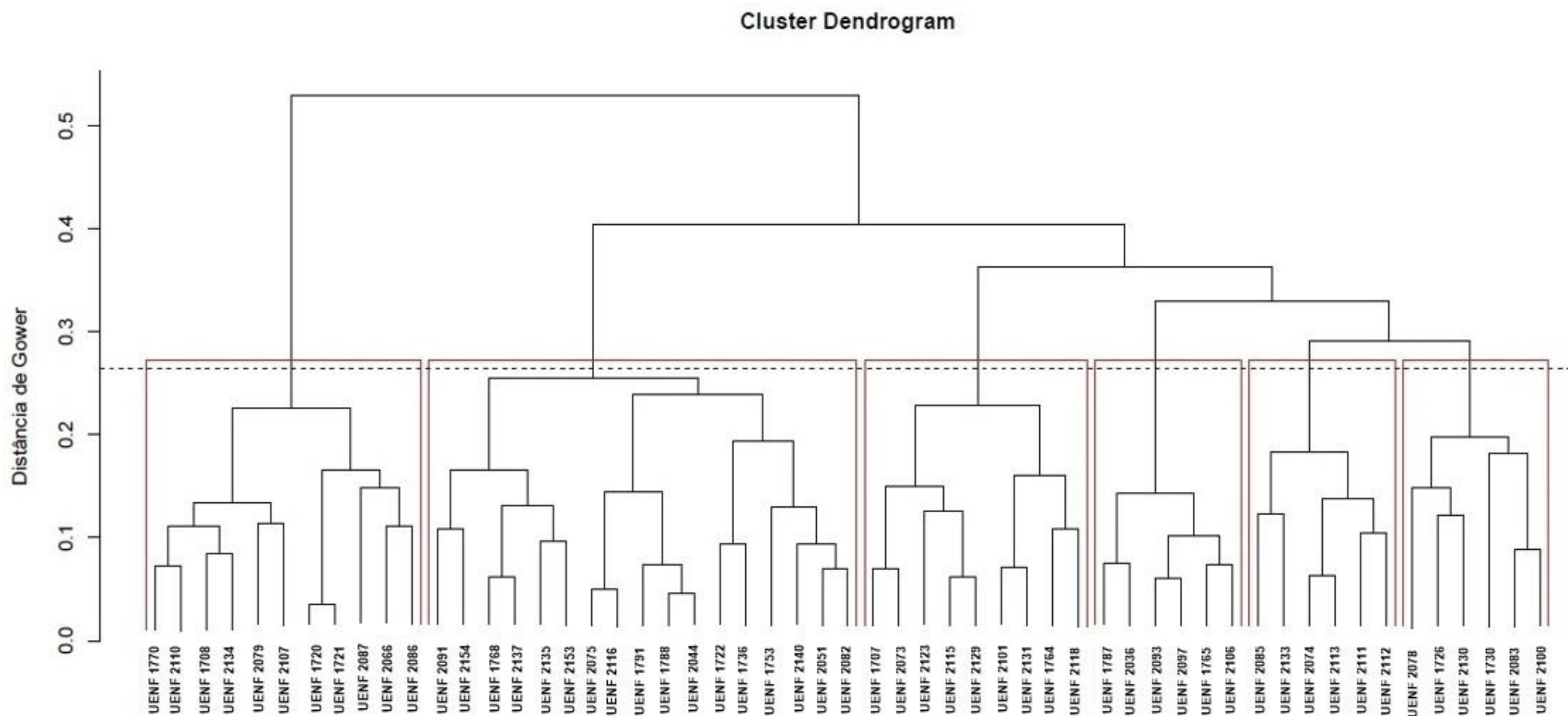


Figura 12. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 55 acessos de *Capsicum chinense*, obtido pelo método WARD-MLM, com base nos marcadores ISSR e microssatélite. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

5.3. Análise conjunta das variáveis morfoagronômicas e moleculares

O método de Ward-MLM permitiu a formação de seis grupos distintos tanto para as variáveis morfoagronômicas, quanto para as moleculares, porém o arranjo entre os acessos nas análises não se manteve igual (Figura 13).

O emaranhamento obtido foi de 0,58, evidenciando a divergência na distribuição dos acessos em ambos os dendrogramas. Os acessos UENF 1770, UENF 1708 e UENF 2112 foram os que tiveram menores mudanças entre os agrupamentos, enquanto os acessos UENF 2110 e UENF 2135 apresentaram maior distinção.

Esta distinção de arranjos entre os acessos nos dendrogramas, possivelmente se dá pelo fato de que os marcadores moleculares utilizados não são específicos para determinadas características fenotípicas. Eles amplificam regiões mais conservadas do genoma, não sendo possível assimilar uma marca molecular a uma determinada característica fenotípica.

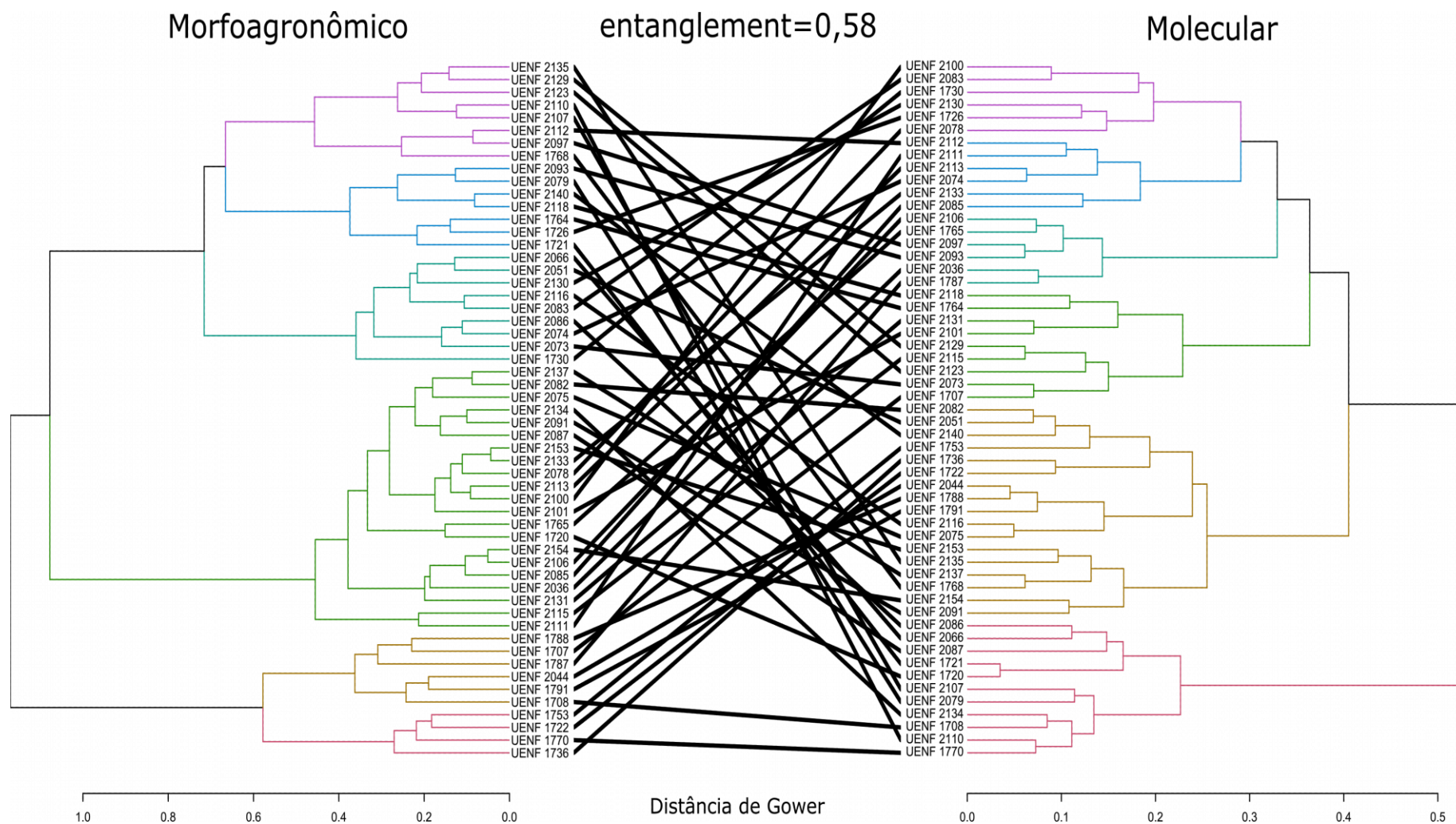


Figura 13. Emaranhamento entre 55 acessos de *Capsicum chinense*, obtido pelo pacote Dendextend, com base na Distância de Gower considerando as variáveis morfoagronômicas e moleculares. UENF, Campos dos Goytacazes, 2017.

6. CONCLUSÕES

Não houve duplicata entre acessos ao se utilizarem descritores morfológicos e/ou moleculares, havendo, assim, variabilidade fenotípica e divergência genotípica entre todos os acessos;

Não houve correlação entre fenótipo ou genótipo e local de aquisição;

Foram identificados 18 iniciadores ISSR, sendo que, desses, 15 foram considerados polimórficos no germoplasma trabalhado;

Dezessete pares de iniciadores microsatélites foram amplificados, sendo nove desses considerados polimórficos, tendo ocorrido transferibilidade desses marcadores desenvolvidos para *C. annuum*;

Enfim, apesar de, apenas, 1/3 da coleção de *C. chinense* da UENF ter sido caracterizada, observou-se uma diversidade significativa entre os acessos de uma mesma espécie com potencial para integrar diversos programas de melhoramento genético do gênero *Capsicum*.

REFERÊNCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agarwal, M.; Shrivastava, N.; Padh, H. (2008) Advances in molecular marker techniques and their applications in plant sciences. *Plant Cell Rep*, 27:617-631.
- Akbar, N.; Ahmad, H.; Ghafoor, S.; Begum, K.; Afridi, S.G.; Muhammad, I.; Khan, I.A. (2010) Estimation of Genetic Diversity in *Capsicum* Germplasm Using Randomly Amplified Polymorphic DNA. *Asian Journal of Agricultural Sciences*, 2(2):53-56.
- Andrade, F.A.; Gonçalves, L.S.A.; Miglioranza, E.; Ruas, C.F.; Ruas, P.M.; Takahashi, L.S.A. (2016) AFLP analysis of genetic diversity in determinate and indeterminate snap bean accessions. *Acta Sci., Agron.* vol.38.
- Andrews, J. (1984) Peppers: the domesticated *Capsicum*. *Austin: University of Texas Press*. 170p.
- Antonious, G.F.; Kochhar, T.S.; Jarret, R.L.; Snyder, J.C. (2006) Antioxidants in hot pepper: variation among accessions. *Journal of Environmental Science and Health Part B*, 41:1237-1243.
- Araújo, S.A.C.; Deminicis, B.B. (2009) Fotoinibição da fotossíntese. *Revista brasileira de Biociências*, Porto Alegre, v. 7, n. 4, p. 463-472.

- Ashrafi, H.; Hill, T.; Stoffel, K.; Kozik, A.; Yao, J. (2012) De novo assembly of the pepper transcriptome (*Capsicum annuum*): A benchmark for in silico discovery of snps, ssrs and candidate genes. *BMC Genomics*, 13:571-580.
- Baba, V.Y.; Rocha, K.R.; Gomes, G.P.; De Fátima Ruas, C.; Ruas, P.M.; Rodrigues, R.; Gonçalves, L.S.A. (2015). Genetic diversity of *Capsicum chinense* accessions based on fruit morphological characterization and AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 40, p. 1-11.
- Barboza, G.E., Agra, M.F., Romero, M.V., Scaldaferrero, M.A., Moscone, E.A. (2011). New endemic species of *Capsicum* (Solanaceae) from the Brazilian Caatinga: comparison with the re-circumscribed *C. parvifolium*. *Systematic Botany*. 36:768-781.
- Basu, S.K.; De, A.K. (2003) *Capsicum*: historical and botanical perspectives. In: De AK (Ed) *Capsicum: The genus Capsicum*. *Taylor & Francis*, London & New York, 1-15.
- Bento, C.S.; Sudré, C.P.; Rodrigues, R.; Riva, E.M.; Pereira, M.G. (2007). Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. *Scientia Agraria* (UFPR. Impresso), v. 8, p. 147-154.
- Bianchi, P.A.; Dutra, I.P; Moulin, M.M.; Santos, J.O.; Júnior, A.C.S. (2016) Morphological characterization and analysis of genetic variability among pepper accessions. *Ciência Rural*, v.46, n.7, p.1151-1157.
- Borba, R.da S.; Garcia, M.S.; Kovalleski, A.; Oliveira, A.C.; Zimmer, P.D.; Branco, J.S.C.; Malone, G. (2005) Dissimilaridade genética de linhagens de *Trichogramma* Westwood (Hymenoptera: Trichogrammatidae) através de marcadores moleculares ISSR. *Neotropical Entomology* 34: 565-569.
- Borém, A.; Caixeta, E.T. (2009). *Marcadores Moleculares – Viçosa, MG*, 374p.
- Bosland, P.W. (1996). *Capsicum: Innovative uses of an ancient crop*. p. 479-487. In: J. Janick (ed.), *Progress in new crops*. ASHS Press, Arlington, VA.

- Buso, G.S.C.; Ciampi, A.Y.; Moretzhon, M.C.; Amaral, Z.P.S.; Brondani, R.V. (2003) Marcadores microssatélites em espécies vegetais – Desenvolvimento e caracterização de marcadores microssatélites em espécies vegetais tropicais. *Revista Biotecnologia Ciência e Desenvolvimento*, 30:46-50.
- Buso, G.S.C.; Reis, A.M.M.; Amaral, Z.P.S.; Ferreira, M.E. (2016) Novel and highly informative *Capsicum* SSR markers and their cross-species transferability. *Genetics and Molecular Research* 15 (3).
- Campos, A.L. (2014) Coleta e caracterização de acessos de *Capsicum* spp. da agrobiodiversidade da região sudoeste do Mato Grosso. Dissertação de Mestrado. Universidade do Estado do Mato Grosso.
- Carvalho, S.I.C.; Bianchetti, L.B. (2004). Sistema de Produção de Pimentas (*Capsicum* spp.): botânica. Embrapa Hortaliças, sistemas de produção.
- Carvalho, S.I.C.; Bianchetti, L.B.; Ribeiro, C.S.C.; Lopes, C.A. (2006). Pimentas do gênero *Capsicum* no Brasil. [S.l: s.n.].
- Carvalho, S. I. C.; Bianchetti, L.B. (2007) Sistema de produção de pimentas (*Capsicum* spp.): botânica, Embrapa Hortaliças, Sistemas de produção, 2 ISSN 1678.
- Carvalho, S.I.C.; Bianchetti, L.B. (2008). Botânica e recursos genéticos. Pimentas *Capsicum*. Brasília: *Embrapa Hortaliças*. p. 39-54.
- Carvalho, S.I.C.; Ragassi, C.F.; Oliveira, I.B.; Amaral, Z.P.S.; Reifschneider, F.J.B.; Faleiro, F.G.; Buso, G.S.C. (2015) Transferability of microsatellite markers of *Capsicum annuum* L. to *C. frutescens* L. and *C. chinense* Jacq. *Genetics and Molecular Research*. 14 (3): 7937-7946.
- Casali, V.W.D.; Couto F.A.A. (1984). Origem e botânica de *Capsicum*. *Informe Agropecuário*. Belo Horizonte. 10: 113pp.
- Casali, V.W.D.; Pádua, J.G.; Braz, L.T. (1984) Melhoramento de pimentão e pimenta. *Informe Agropecuário* 113: 19-22.
- Casali, V.W.D.; Stringheta, P.C. (1984) Melhoramento de pimentão e pimenta para fins industriais. *Informe Agropecuário*, v.10, p.23-24.

- Castro, S.P.; Dávila, A.M.A.G. (2008). Caracterización morfológica de 93 accesiones de *Capsicum* spp del banco de germoplasma de la Universidad Nacional de Colombia – Sede Palmira. *Acta Agronómica* 57: 247-252.
- Cezar, M.A.; Krause-Sakate, R.; Pavan, M.A.; Costa, C. P. (2009) Avaliação da resistência a tobamovirus em acessos de *Capsicum* spp. *Summa Phytopathologica*. V. 35, n.1, p.39-43.
- Chaves, A.A.C.; Furtado, S.C.F. (2015) Análise físico-química de pimenta de cheiro mantida em temperatura ambiente. *Revista Científica da Fаметro* - v. 1, n. 1.
- Cheema, S.K.; Pant, M.R. (2011) Estimation of capsaicin in seven cultivated varieties of *Capsicum annuum* L. *Research Journal of Pharmaceutical, Biological and Chemical Sciences*, 2(2): 701-706.
- Chhabra, N.; Aseri, M.L.; Goyal, V.; Sankhla. (2012) Capsaicin: a promising therapy-a critical reappraisal. *International Journal of Nutrition, Pharmacology, Neurological Diseases*, 2(1):8-15
- Costa, C.S.R.; Henz, G.P. (2007) Sistema de produção, Embrapa Hortaliças.
- Costa, L. M.; Moura, N. F.; Marangoni, C.; Mendes, C. E.; Teixeira, A. O. (2010). Atividade antioxidante de pimentas do gênero *Capsicum*. *Ciênc. Tecnol. Aliment.* [online]. Vol.30, suppl.1, pp. 51-59.
- Cruz, C.D.; Miranda, J.E.C.; Costa, C.P. (1988) Correlações, efeitos diretos e indiretos de caracteres agrônômicos sobre a produção de pimentão (*Capsicum annuum* L.). *Revista Brasileira de Genética*, v.11, n.4, p.921-928.
- Cruz, C.D.; Ferreira, F.M.; Pessoni, L.A. (2011) Biometria aplicada ao estudo de diversidade genética. Universidade Federal de Viçosa.
- Cruz, C.D. (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*, 35(3):271-276.
- Daher, R.F.; Pereira, M.G.; Tupinamba, E.A.; Amaral Júnior, A.T.; Aragão, W.N.; Ribeiro, F.E.; Oliveira, L.O.; Sakiyama, N.S. (2002) Assessment of coconut

- tree genetic divergence by compound sample RAPD marker analysis. *Crop Breed Appl. Biotechnol.* 3: 431-438.
- Dias, G.B.; Gomes, V.M.; Morais, T.M.S.; Zottich, U.P.; Rabelo, G.R.; Carvalho, A.O.; Moulin, M.M.; Goncalves, L.S.A.; Rodrigues, R.; Cunha, M. (2013) Characterization of *Capsicum* species using anatomical and molecular data. *Genetics and Molecular Research*. Vol. 23, p.222 – 232.
- Diprado, P.R.C; Reis, E.F.dos; Oliveira, E.M.O.; Pinto, J.F.N. (2012) Estimativa de parâmetros genéticos de uma população de pimenta de bode (*Capsicum chinense* Jacq). *IX CONPEEX*.
- Domenico, C.I.; Coutinho, J.P.; Godoy, H.T.; Melo, A.M.T. (2012) Caracterização agrônômica e pungência em pimenta de cheiro. *Horticultura Brasileira*, vol.30: 466-472.
- Doyle, J.J.; Doyle, J.L. (1987) Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus*, 12:13.
- Evanno, G.; Regnaut, S.; Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: a simulation study. *Mol. Ecol.* 14: 2611-2620.
- Faostat, 2015: Agricultural production data. Disponível em: <<http://www.fao.org/faostat/en/#data/QC>>. Acesso em 03/02/2017.
- Ferraz, R.M.; Ragassi, C.F; Heinrich, A.G.; Lima, M.F.; Peixoto, J.R.; Reifschneider, F.J.B. (2016) Caracterização morfoagrônômica preliminar de acessos de pimentas cumari. *Hortic. Bras.* vol.34 no.4.
- Ferrão, L.F.V.; Cecon, P.R.; Finger, F.L.; Silva, F.F.; Puiatti, M. (2011) Divergência genética entre genótipos de pimenta com base em caracteres morfo-agrônômicos. *Horticultura Brasileira*, 29(3):354-358.
- Ferreira, M.E.; Grattapaglia, D. (1998). Introdução ao uso de marcadores moleculares em análise genética. 3ª ed. Brasília: *Embrapa-Cenargem*, 220p.
- Filgueira, F.A.R. (2012) Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. Viçosa: UFV. 402p.

- Finger, F.L.; Lannes, S.D.; Schuelter, A.R.; Doege, J.; Comerlato, A.P.; Gonçalves, L.S.A.; Ferreira, F.R.A.; Clovis, L.R.; Scapim, C.A. (2010) Genetic diversity of *Capsicum chinense* (Solanaceae) accessions based on molecular markers and morphological and agronomic traits. *Genetics and Molecular Research* 9 (3): 1852-1864.
- Franco, J.; Crossa, J.; Villaseñor, J.; Taba, S.; Eberhart, S.A. (1998) Classifying genetic resources by categorical and continuous variables. *Crop Science*, Madison, v.38, n.6, p.1688-1696.
- Gonçalves, L.S.A.; Rodrigues, R.; Sudré, C.P.; Bento, C.S.; Moulin, M.M.; Araújo, M.L.; Daher, R.F.; Pereira, T.N.S.; Pereira, M.G (2008). Divergência genética em tomate estimada por marcadores RAPD em comparação com descritores multicategóricos. *Horticultura Brasileira*. Vol.26. P. 364-370.
- Goulão, L.; Oliveira, C.M. (2001). Molecular characterisation of cultivars of apple (*Malus x domestica* Borkh.) using microsatellite (SSR and ISSR) markers. *Euphytica* 122: 81-89.
- Gower J.C. (1971). A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics*. 27: 857-874.
- Guerra, N. A. (2001) Estudios cromosómicos de cuatro selecciones de *Capsicum chinense* Jacq. *Revista UDO Agrícola*, v. 1; n. 1; 34-41 p.
- Guzmán, F.A.; Azurdia, H.A.C.; Duque, M.C.; Carmen, V. M. (2005). AFLP assessment of genetic diversity of *Capsicum* genetic resources in Guatemala: home gardens as an option for conservation. *Crop Sci*. 45: 363-370.
- Heiser J.R. (1995) C.B. Peppers – *Capsicum* (Solanaceae). In: SMARTT, J.; SIMMONDS, N. W. *Evolution of crop plants*. London: Longman. p. 449-451.
- Henz G.P.; Ribeiro, C.S.C. (2008) Pimentas *Capsicum*: Mercado e comercialização. Brasília: *Embrapa Hortaliça*
- Hill, T.A.; Ashrafi, H.; Wo, R.C.S.; Yao, J.; Stoffel, K.; Truco, J.M.; Kozik, A.; Michelmore, R.W.; Deynze, A.V. (2013) Characterization of *Capsicum annuum*

- genetic diversity and population structure based on parallel polymorphism discovery with a 30K unigene pepper genechip. *Plos One*, v. 8, n. 4, p. 1-16.
- Ibiza, V.P.; Blanca, J.; Cañizares, J.; Nuez, F. (2012) Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59(6):1077-1088.
- Ince, A.G.; Karaca, M.; Onus, A.N. (2010) Polymorphic Microsatellite Markers Transferable Across *Capsicum* Species Genetic. *Plant Molecular Biology Reporter*, 28:285-291.
- Instituto Brasileiro de Geografia e Estatística (2006): <<http://www.sidra.ibge.gov.br>>. Página consultada em 03/02/2017.
- IPGRI. (1995) Descriptors for *Capsicum* (*Capsicum* spp.). Rome: *International Plant Genetic Resources Institute*, 49 p.
- Jarret, R.L.; Berke, T. (2008). Variation for fruit morphological characteristics in a *Capsicum chinense* Jacq. germplasm collection. *HortScience* 43: 1694-1697.
- Kumar, P.; Gupta, V.K.; Misra, A.K.; Modi, D.R.; Pandey, B.K. (2009) Potential of Molecular Markers in Plant Biotechnology, *Plant Omics Journal*, 2(4):141-162.
- Lannes, S.D.; Finger, F.L.; SchuelteR, A.R.; Casali, V.W.D. (2007) Growth and quality of Brazilian accessions of *Capsicum chinense* fruits. *Scientia Horticulturae* 112: 266-270.
- Leite, P.S.S. (2014) Genotipagem de acessos de *Capsicum baccatum* através de caracterização morfológica e molecular. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
- Leite, P.S.S.; Rodrigues, R.; Silva, R.N.O.; Pimenta, S.; Medeiros, A.M.; Bento, C.S.; Gonçalves, L.S.A. (2016) Molecular and agronomic analysis of intraspecific variability in *Capsicum baccatum* var. *pendulum* accessions. *Genetics and Molecular Research* 15 (4).
- Lopes, M.A.P.; Gonçalves, L.D.; Morais, E.G.; Resende, C.P.; Branco-Vaz, G.H. (2016) Caracterização de acessos de pimenta cumari de distribuição natural

- para fins de melhoramento genético. *Revista Agrogeoambiental*, v. 8, n. 4, p. 105-115.
- López, P.; Gorzalczany, S.; Acevedo, C.; Alonso, R.; Ferraro, G. (2012) Chemical study and anti-inflammatory activity of *Capsicum chacoense* and *C. baccatum*. *Revista Brasileira de Farmacognosia*, 22(2):455-458.
- Lutz, D.L.; Freitas, S.C. (2008) Valor nutricional. Pimentas *Capsicum* Brasília: *Embrapa Hortaliças* p. 31-38.
- MacNeish, R.S. (1964) Ancient Mesoamerican civilization. *Science* 143:531-537.
- Minamiyama, Y., Tsuru, M., Hirai, M. (2006) Na SSR-based linkage map of *Capsicum annuum*. *Molecular Breeding*, 18:157-169.
- Moreira, G.R.; Caliman, F.R.B.; Silva, D.J.H.; Ribeiro, C.S.C. (2006) Espécies e variedades de Pimenta. *Informe Agropecuário*. Belo Horizonte, v. 27, n.25, 16, nov/dez.
- Moscone, E.A.; Scaldaferrro, M.A.; Gabriele, M.; Cecchini, N.M.; García, Y.S.; Jarret, R.; Daviña, J.R.; Ducasse, D.A.; Barboza, G.E.; Ehrendorfer, F. (2007) The Evolution of Chili Peppers (*Capsicum* – Solanaceae): a Cytogenetic Perspective. VIth International Solanaceae Conference. Eds.: D.M. SPOONER, et al., *Acta Horticulture* 745. 137- 170.
- Moses, M.; Umaharan, P.; Dayanandan, S. (2014) Microsatellite based analysis of the genetic structure and diversity of *Capsicum chinense* in the Neotropics. *Genet Resour Crop. Evol.* 61:741–755.
- Moulin, M.M. (2013) Construção de mapa genético, identificação de QTLs associados a caracteres agronômicos e detecção de inibidores de protease em *Capsicum baccatum* var. *pendulum*. Tese de Doutorado. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.
- Moulin, M.M.; Rodrigues, R.; Ramos, H.C.C.; Bento, C.S.; Sudré, C.P.; Gonçalves, L.S.A.; Viana, A.P. (2015) Construction of an integrated genetic map for *Capsicum baccatum* L. *Genetics and Molecular Research*. v. 14, p. 6683-6694.

- Moura, M.C.C.L.; Gonçalves, L.S.A.; Sudré, C.P.; Rodrigues, R.; Amaral-Júnior, A.T.; Pereira, T.N.S. (2010) Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimento. *Hortic. bras.*, v. 28, n. 2.
- Nascimento, W.M. (2006) Produção de sementes de pimentas. *Informe Agropecuário*, Belo Horizonte, v.27, p.30-39.
- Neitzke, R.S.; Barbieri, R.L.; Vasconcelos, C.S.; Fischer, S.Z.; Vilella, J.C.B.; Castro, C.M. (2014) Caracterização morfológica e estimativa da distância genética de acessos de pimenta do banco ativo de germoplasma de *Capsicum* da Embrapa clima temperado. *Boletim de Pesquisa e Desenvolvimento. Embrapa Clima Temperado*. 43p.
- Neto, J.J.S.; Rêgo, E.R.; Nascimento, M.F.; Filho, V.A.L.S.; Neto, J.X.A.; Rêgo, M.M. (2014) Variabilidade em população base de pimenteiras ornamentais (*Capsicum annuum* L.). *Rev. Ceres, Viçosa*, v. 61, n.1, p. 084-089.
- Nuez, F.; Gil Ortega, R.; Costa, J. (1996) *El Cultivo de Pimientos. Chiles y Ajies. Ediciones Mundi-Prensa*.
- Nunes, C.F.; Ferreira, J.L.; Generoso, A.L.; Dias, M.S.C.; Pasqual, M.; Cançado, G.M.A. (2013) The genetic diversity of strawberry (*Fragaria ananassa* Duch.) hybrids based on ISSR markers. *Acta Scientiarum*, v. 35, n. 4, p. 443-452.
- Pacheco-Olvera, A.; Hernandez-Verdugo, S.; Rocha-Ramirez, V.; Gonzalez-Rodriguez, A.; Oyama, K. (2012) Genetic Diversity and Structure of Pepper (*Capsicum Annuum* L.) from Northwestern Mexico Analyzed by Microsatellite Markers. *Crop Science*, 52:231-241.
- Patel, AS.; Sasidharan, N.; Vala, AG.; Kumar, V. (2011). Genetic relation in *Capsicum annuum* L. cultivars through microsatellite markers: SSR and ISSR. *Electronic Journal of Plant Breeding* 2: 67-76.
- Peakall, R.; Smouse, P.E. (2012) GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics*. 28(19): 2537–2539.

- Perry, L.; Dickau, R.; Zarrillo, S.; Holst, I.; Pearsall, D.M. (2007) Starch fossils and the domestication and dispersal of chili peppers (*Capsicum* spp. L.) in the Americas. *Science*, 315:986-988.
- Perucka, I.; Materska, M. (2007) Antioxidant vitamin contents of *Capsicum annuum* fruit extracts as affected by processing and varietal factors. *Acta Scientiarum Polonorum. Technol. Aliment*, 6(4):67-74.
- Pickersgill, B. (1991) Cytogenetics and evolution of *Capsicum* L. In: Tsuchiya, T., Gupta, P.K. (eds.) Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, evolution, part B, Amsterdam: Elsevier. p.139-160.
- Pimenta, S.; Rodrigues, R.; Sudré, C.P.; Moraes, J.G.T.; Bento, C.S.; Medeiros, A.M. (2016). Protecting vegetable cultivars in Brazil: a chili pepper case-study research. *Hortic. bras.*, v. 34, n. 2.
- Pino, J.; González, M.; Ceballos, L.; Centurión-Yah, A.R.; Trujilloaguirre, J.; Latournerie-Moreno, L.; Sauri-Duch, E. (2007) Characterization of total capsaicinoids, color and volatile compounds of habanero chilli pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) cultivars in Yucatan. *Food Chemistry* 104: 1682-1686.
- Pritchard, J.K.; Stephens, M.; Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics* 155: 945-959.
- Prince, J.P.; Lackney, V.K.; Angeles, C.; Blauth, J.; Kyle, M.M. (1995) A survey of DNA polymorphism within the genus *Capsicum* and the fingerprinting of pepper cultivars. *Genome*, Ottawa, v. 38, p. 224-231.
- Rana, M.; Sharma, R.; Sharma, P.; Bhardwaj, S.V.; Sharma, M. (2013) Estimation of genetic diversity in *Capsicum annuum* L. germplasm using PCR-Based molecular markers . *Natl. Acad. Sci. Lett.*
- Rao, C.R. (1952) *An advanced statistical methods in biometric research*. New York: J. Wiley, 330p.

- Rauscher, G.; Simko, I. (2013) Development of genomic SSR markers for fingerprinting lettuce (*Lactuca sativa* L.) cultivars and mapping genes. *BMC Plant Biology*, 13:1-11.
- Reddy, M. P.; Sarla, N.; Siddiq, E. (2002) A. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. *Euphytica*. 128:9-17.
- Rêgo, E.R.; Finger, F.L.; Cruz, C.D., Rêgo, M.M. (2006) Caracterização, diversidade e estimação de parâmetros genéticos em pimenteiras (*Capsicum* spp.). II Encontro Nacional do Agronegócio Pimentas (*Capsicum* spp.).
- Rêgo, E.R.; Rêgo, M.M.; Finger, F.L.; Cruz, C.D.; Casali, V.W.D. (2009) A diallel study of yield components and fruit quality in chilli peppers (*Capsicum baccatum*). *Euphytica* 168: 275-287.
- Rêgo, E.R.; Rêgo, M.M.; Matos, I.W.F.; Barbosa, L.A. (2011) Morphological and chemical characterization of fruits of *Capsicum* spp. accessions. *Horticultura Brasileira* vol.29 no.3 Brasília July/Sept.
- Reifschneider, F.J.B. (2000), *Capsicum: pimentas e pimentões no Brasil*. EMBRAPA Hortaliças, Brasília. p. 11.
- Reifschneider, F.J.B.; Ribeiro, C.S.C. (2008) *Pimentas Capsicum*. Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária - Embrapa Hortaliças. Ministério da Agricultura, Pecuária e Abastecimento. Brasília-DF.
- Ribeiro, C.S.C.; Lopes, C.A.; Carvalho, S.I.C.; Henz, G.P.; Reifschneider, F.J.B. (2008). *Pimentas Capsicum*. Brasília: Embrapa Hortaliças. p. 55-69.
- Rodrigues, R.; Bento, C.S.; Silva, M.G.M.; Sudré, C.P. (2010) Atividades de caracterização e avaliação em bancos de germoplasma. In: Pereira, T.N.S. *Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas*. Viçosa: Arca, 2010. p. 115-140.
- Rodriguez, J.M.; Berke, T.; Engle, L.; Nienhuis, J. (1999) Variation among and within *Capsicum* species revealed by RAPD markers. *Theoretical and Applied Genetics*, New York, v. 99, p. 147-156.

- Rufino, J.L.S.; Penteado, D.C.S. (2006) Informe Agropecuário. Belo Horizonte, v.27, n.235, p.7-15.
- Saccardo, F. (1992) Il miglioramento del peperone (objective, tecniche, programmi). In: Colana l'Italia Agricola. Miglioramento genetico dei vegetali. Roma: Ramo editorial degli agricoltori, p.182-194.
- Silva, A.R.; Cecon, P.R.; Rêgo, E.R.; Nascimento, M. (2011) Avaliação do coeficiente de variação experimental para caracteres de frutos de pimenteiras. *Revista Ceres*, 58(2):168-171.
- Simões, C.M.O.; Schenkel, E.P.; Gosmann, G.; Mello, J.C.P.; Mentz, L.A.; Petrovick, P.R. (2004) Farmacognosia: da planta ao medicamento. 5 ed. Editora da UFRGS / Editora da UFSC, 1102p.
- Singh, D. (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. *Indian Journal of Genetic and Plant Breeding*, 41 (2):237-245.
- Singh, P.; Cheema, D.S.; Dhaliwa, M.S.; Garg, N. (2014). Heterosis and 51 combining ability for earliness, plant growth, yield and fruit attributes in hot pepper (*Capsicum annuum* L.) Involving genetic and cytoplasmic-genetic male sterile lines. *Scientia Horticulturae*, 168: 175–188p.
- Souza, C.S.; Paulsen, B.S.; Devalle, S.; Costa, L.S.; Borges, H.L.; Rehen, S.T. (2015) Commitment of human pluripotent stem cells to a neural lineage is induced by the pro-estrogenic flavonoid apigenin. *Advances in Regenerative Biology*. 2: 29244.
- Spooner, D.; Van Treuren, R.; De Vicente, M.C. (2005). Molecular markers for genebank management. IPGRI. *Technical Bulletin nº 10*. International Plant Genetic Resources Institute. Rome, Italy.
- Sudré, C.P. (2003) Divergência genética e avaliação da resistência à mancha bacteriana em *Capsicum* spp. Dissertação de Mestrado. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro.

- Sudré, C.P.; Rodrigues, R.; Riva, E.M.; Karasawa, M.; Amaral Júnior, A.T.do. (2005) Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. *Horticultura Brasileira*, Brasília, v. 23, n.1, p. 22-27.
- Sudré, C.P.; Cruz, C.D.; Rodrigues, R.; Riva, E.M.; Amaral Júnior, A.T.; Silva, D.J.H.; Pereira, T.N.S. (2006). Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. *Horticultura Brasileira*, 24:88-93
- Sudré, C.P.; Gonçalves, L.S.A.; Rodrigues, R.; Amaral Júnior, A.T. do; Riva-Souza, E.M.; Bento, C. dos S. (2010) Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. *Genetics and Molecular Research* 9 (1): 283-294.
- Tewksbury, J. J.; Nabhan, G. P. (2001). Seed dispersal: directed deterrence by capsaicin in chillies. *Nature*, 412(6845), 403-404.
- Thul, S.T.; Mahendra, P.; Darokar; Ajit, K.; Shasany, S.; Khanuja, P.S. (2011) Molecular Profiling for Genetic Variability in *Capsicum* Species Based on ISSR and RAPD Markers. *Mol Biotechnol*. Vol. 8, p. 1422-1429.
- Ulhoa, A.B.; Pereira, T.N.; Silva, R.N.; Ragassi, C.F.; Rodrigues, R.; Pereira, M.G.; Reifschneider, F.J.B. (2014) Caracterização molecular de linhagens de pimenta do tipo Jalapeño amarelo. *Hortic. Bras.* vol.32 no.1.
- Valls, J.F.M. (2007) Caracterização de recursos genéticos vegetais. In: Nass, L.L. (Ed.) *Recursos genéticos vegetais*. Brasília: Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia. p.281- 305. 2007.
- Valois, A.C.C.; Nass, L.L.; Goes, M. In: Nass, L.L.; Melo, I.S.; Valadres-Inglis, M.C. (2001) Recursos genéticos e melhoramento – Plantas. Rondonópolis MT. Cap. 6, p.123-149.
- Villela, J.C.B.; Barbieri, R.L.; Castro, C.M.; Neitzke, R.S.; Vasconcelos, C.S.; Carbonari, T.; Mistura, C.C.; Priori, D. (2014) Caracterização molecular de pimentas crioulas (*Capsicum baccatum*) com marcadores microssatélites. *Horticultura Brasileira* 32: 131-137.

- Wall, M.M.; Wadell, C.A.; Bosland, P.W. (2001) Variation in β -carotene and total carotenoid content in fruits of *Capsicum*. *HortScience*, 36(4):746-749.
- Walsh, B.M.; Hoot, S.B. (2001) Phylogenetic relationships of *Capsicum* (Solanaceae) using DNA sequences from two noncoding regions: The chloroplast *atpB-rbcL* spacer region and nuclear *waxy* introns. *Int. J. Plant Sci.* 162(6):1409-1418.
- Wang, D.; Bosland, P.W. (2006). The genes of *Capsicum*. *HortScience*, 41(5), 1169-1187.
- Weir, B.S. (1996). Genetic data analysis II - Methods for discrete population genetic data. 2 ed. Sunderland: Sinauer Associates, 445p.
- Xie, W.G.; Zang, X.Q.; Cai, H.W.; Liu, W.; Peng, Y. (2010) Genetic diversity analysis and transferability of cereal EST-SSR markers to orchardgrass (*Dactylis glomerata* L.). *Biochemical Systematics and Ecology* 38 (2010) 740–749.
- Zimmer, A.R.; Leonardi, B.; Miron, D.; Schapoval, E.; Oliveira, J.R.; Gosmann, G. (2012) Antioxidant and anti-inflammatory properties of *Capsicum baccatum*: from traditional use to scientific approach. *Journal of Ethnopharmacology*, 139: 228- 2.