

Revista
Ciência, Tecnologia & Ambiente

Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta

Characteristics of seedlings: genetics dissimilarity among pepper accessions

Camila Soares de Oliveira¹, Joicy Vitória Miranda Peixoto^{1*}, Maurício Pivetta Momesso²,
Lucas Medeiros Pereira², Hugo Gabriel Peres², Gabriel Mascarenhas Maciel²

¹ Instituto de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Uberlândia, MG, Brasil.

*Autor para correspondência: joicyvmpeixoto@yahoo.com.br

² Universidade Federal de Uberlândia – UFU, Monte Carmelo, MG, Brasil.

Como citar: OLIVEIRA, C.S., PEIXOTO, J.V.M., MOMESSO, M.P., PEREIRA, L.M., PERES, H.G. & MACIEL, G.M., 2019. Características de plântulas: dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. *Ciência, Tecnologia & Ambiente*, vol. 9, e09114. <https://doi.org/10.4322/2359-6643.09114>.

RESUMO

Atualmente não há um consenso referente ao melhor método de análise multivariada, capaz de caracterizar na fase de plântulas, acessos de germoplasma do gênero *Capsicum* spp. Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a divergência genética na fase de plântulas em acessos de pimenta por meio de análise multivariada e testar a eficiência de diferentes métodos. Foram avaliadas características quantitativas e qualitativas de 65 acessos. Utilizou-se três técnicas de agrupamento: método de otimização de Tocher, hierárquico de agrupamento médio entre grupos (UPGMA) e análise de componentes principais (ACP). A média e moda dos grupos formados também foram calculadas. O coeficiente de correlação cofenético (CCC) foi determinado para validação dos agrupamentos de Tocher e UPGMA. Concluiu-se que houve variabilidade genética entre os 65 acessos avaliados na fase de plântula. Os métodos de agrupamento UPGMA e Tocher foram eficientes e coerentes na identificação de grupos distintos na fase de plântula. O método de dispersão gráfica não apresentou eficiência nessa identificação.

Palavras-chave: análise multivariada, divergência genética, banco de germoplasma.

ABSTRACT

There is no consensus regarding the best method of multivariate analysis that is capable to characterize the stage of seedling germplasm of *Capsicum* spp. Therefore, this study aimed to evaluate the genetic divergence at the seedling stage in pepper germplasm using multivariate analysis and test the efficiency of different multivariate methods. Quantitative and qualitative characteristics of 65 accesses were evaluated. Three grouping techniques were used: Tocher optimization method, hierarchical clustering average between groups (UPGMA) and principal component analysis (PCA). The average and mode of the groups formed were calculated. The coefficient of cophenetic correlation (CCC) was determined to validate Tocher and UPGMA clusters. It was concluded that there was genetic variability among the 65 accesses in seedling stage. UPGMA clustering methods and Tocher were efficient and consistent at identifying different groups in the seedling stage. The graphic dispersion method was not effective in this identification.

Keywords: multivariate analysis, genetic divergence, genebank.



INTRODUÇÃO

As pimentas (*Capsicum* spp.) pertencem à família Solanaceae e contribuem de forma relevante no aspecto socioeconômico, principalmente pela geração de empregos (Ribeiro et al., 2008; Ferrão et al., 2011; Signorini et al., 2013). É amplamente utilizada na forma de condimentos e frutos *in natura* (Signorini et al., 2013). O cultivo de pimentas está distribuído em todo território brasileiro, o que ressalta a importância em preservar exemplares desta espécie (Maciel et al., 2016; Carvalho et al., 2017). A expansão das fronteiras agrícolas associada ao crescimento dos grandes centros urbanos tem resultado na extinção de muitas espécies do gênero *Capsicum*, promovendo estreitamento da base genética para o referido gênero (Ribeiro et al., 2008; Maciel et al., 2016; Carvalho et al., 2017), indicando demanda por pesquisas que visem conservar o germoplasma existente desta espécie.

A melhor estratégia para conservação de recursos genéticos envolve a criação de Bancos de Germoplasma no qual ocorrem rotineiramente atividades de caracterização morfológica, geográfica e molecular dos acessos (Hill et al., 2013; Maciel et al., 2016; Carvalho et al., 2017). Estas informações são fundamentais para determinar a variabilidade genética entre os acessos e torná-las *a posteriori* disponíveis aos pesquisadores (Gonçalves et al., 2008; Neitzke et al., 2010; Maciel et al., 2016; Carvalho et al., 2017). Diante deste contexto, torna-se possível reduzir o tempo de execução e melhorar a eficiência de programas de melhoramento genético (Neitzke et al., 2010; Ferrão et al., 2011; Faria et al., 2012,).

A produtividade, peso, comprimento e largura do fruto, espessura da polpa, número de frutos por planta, sabor, aroma e qualidade dos frutos além de resistência a estresses bióticos e abióticos são características importantes na cultura da pimenta (Büttow et al., 2010; Monteiro et al., 2010; Moura et al., 2010; Neitzke et al., 2010). Esses caracteres são comumente analisados em pimenteira, na busca por genótipos que associem a maior quantidade de atributos desejáveis.

A caracterização morfológica na fase de plântulas é de alta relevância em programas de melhoramento genético, pois fornece informações na fase inicial de

desenvolvimento da planta. Essas informações podem auxiliar o melhorista na escolha de quais genótipos devem seguir no processo de melhoramento conforme o objetivo almejado. Dessa forma tem-se economia de tempo e dinheiro no decorrer do melhoramento genético de pimentas, tendo em vista que uma pré-seleção pode ser realizada no estágio de plântulas.

Marcadores morfológicos em plântulas são amplamente utilizados em programas de melhoramento genético de diversas espécies como soja e tomate dentre outras (Ramalho et al., 2008; Pereira et al., 2012; Naz et al., 2013). Em estudo visando a caracterização da diversidade genética entre 25 acessos de tomateiro, por meio de marcadores morfológicos e pela técnica molecular RAPD, Naz et al. (2013), observaram que a técnica molecular sustentou as informações provenientes da avaliação de caracteres morfológicos.

Informações para o gênero *Capsicum* spp. são escassas, especialmente na fase de plântulas. Resultados obtidos por meio da técnica molecular RAPD demonstram a importância dos marcadores morfológicos na avaliação da divergência genética em acessos de pimenta (Silva et al., 2017). Segundo Vasconcelos et al. (2012) as características morfológicas das flores de pimenteira dentre outros, podem ser utilizados como marcadores morfológicos para determinar a divergência genética entre acessos presentes em banco de germoplasma. Esses autores apontam como principal vantagem dessa técnica, a possibilidade de determinação de características desejáveis no início do ciclo reprodutivo da planta. Além disso, não há um consenso referente ao melhor método de análise multivariada, capaz de caracterizar na fase de plântulas, acessos de germoplasma do gênero *Capsicum* spp. Essa informação permite que o melhorista analise o melhor método sem ter que realizar a análise de diferentes métodos de análise multivariada em busca da divergência genética entre os genótipos estudados. Dessa forma, é possível alcançar o resultado e tomada de decisão com maior rapidez.

Diante disso, o presente trabalho teve como objetivo avaliar a eficiência de métodos hierárquicos, componentes principais e de otimização na avaliação da divergência genética na fase de plântulas em acessos de pimenta.

MATERIAL E MÉTODOS

O trabalho foi realizado na Estação Experimental de Hortaliças da UFU (altitude 873 m, 18°42'43,19"S e 47°29'55,8"O), campus Monte Carmelo-MG, no período de agosto de 2013 a fevereiro de 2014. Foram avaliados 65 acessos provenientes de coletas em feiras populares (Material Suplementar).

A semeadura foi realizada em agosto de 2013 em bandejas de poliestireno com 200 células, preenchidas com substrato comercial a base de fibra de coco. Após semeadura, as bandejas foram acondicionadas em casa de vegetação com dimensões de 7 m de comprimento por 5 m de largura, pé direito de três metros, coberta com filme de polietileno transparente de 150 micra, aditivado contra raios ultravioleta e laterais protegidas com telas de polipropileno preto com 30% de sombreamento. As temperaturas máxima, média e mínima durante a condução do trabalho foram 38, 22 e 18 °C, respectivamente.

Decorridos 40 dias após a semeadura foi realizada a caracterização dos acessos na fase de plântulas de acordo com os descritores de *Capsicum* (International Plant Genetic Resources Institute, 1995) que preconiza as seguintes avaliações qualitativas: 1- cor do hipocótilo (CH): coloração branca, verde ou roxa; 2- pubescência no hipocótilo (PH): espaçado, intermediário ou denso; 3- cor do cotilédone (CC): verde claro, verde, verde escuro, roxo claro, roxo, roxo escuro, variegado, amarelo ou outras cores; 4- forma do cotilédone (FC): deltóide, ovalada, lanceolada ou deltóide alongada (Figura 1). Além disso, foi mensurado os caracteres quantitativos referente ao comprimento (CCF) e largura (LCF) do cotilédone foliar.

O experimento foi realizado em delineamento inteiramente casualizado (DIC) conforme o modelo estatístico: $Y_{ij} = \mu + t_i + e_{ij}$ em que:

Y_{ij} : observação do i-ésimo genótipo no j-ésimo bloco;

μ : efeito fixo da média geral;

t_i : efeito fixo do i-ésimo genótipo (tratamento);

e_{ij} : erro experimental médio.

As médias dos caracteres qualitativos e quantitativos foram obtidas após avaliação de 10 plântulas por parcela referente aos 65 tratamentos (acessos). Os caracteres qualitativos foram agrupados como variáveis multicategóricas e a matriz de dissimilaridade foi calculada pela distância de Cole-Rodgers (Cole-Rodgers et al., 1997). Para os caracteres quantitativos a matriz de dissimilaridade foi mensurada pela distância euclidiana média. As matrizes foram somadas para a aplicação dos métodos de agrupamento.

Foram realizadas três técnicas de agrupamento aos acessos: método de otimização de Tocher (Rao, 1952), hierárquico de agrupamento médio entre grupos (UPGMA) e análise de componentes principais (ACP). A média e moda dos grupos formados foram calculadas. O coeficiente de correlação cofenético (CCC) foi determinado para validação dos agrupamentos de Tocher e UPGMA (Sokal e Rohlf, 1962). Os procedimentos estatísticos foram realizados por meio do programa computacional GENES (Cruz, 2013) com exceção do coeficiente de correlação cofenético para o agrupamento de Tocher, realizado no programa R, conforme metodologia de Silva e Dias (2013).



Figura 1. Representação de plântulas com hipocótilos e cotilédones nas cores roxa, verde escuro e verde claro, respectivamente da esquerda para a direita.

RESULTADOS E DISCUSSÃO

Observou-se variabilidade genética em todos os caracteres avaliados. Referente à cor do hipocótilo, apenas os acessos UFU-02, UFU-03, UFU-04, UFU-07, UFU-14, UFU-15 e UFU-16 não apresentaram coloração roxa (Tabela 1).

A cor do hipocótilo é um caractere qualitativo que não sofre variações ambientais tornando-se um critério rápido e de fácil determinação entre os genótipos avaliados. Em outras espécies, como tomateiro (*Solanum lycopersicum* L.), a cor do hipocótilo verde possui grande relevância, pois, pode ser utilizado como marcador

Tabela 1. Descrição do hipocótilo e cotilédone de plântulas provenientes de acessos de pimenta.

Acessos	Hipocótilo		Cotilédone	
	Cor	Pubescência	Cor	Forma
UFU 02	Verde	Denso	verde	Lanceolada
UFU 03	Verde	Denso	verde	Lanceolada
UFU 04	Verde	Intermediário	verde	Lanceolada
UFU 05	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 06	Roxo	Esparço	verde clara	Lanceolada
UFU 07	Verde	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 08	Roxo	Intermediário	verde clara	Lanceolada
UFU 09	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 10	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 11	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 14	Verde	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 15	Verde	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 16	Verde	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU-17	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 18	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 19	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 21	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 22	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 23	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 24	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 25	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 26	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 27	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 30	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 31	Roxo	Intermediário	verde clara	Deltóide alongada
UFU 32	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 33	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 34	Roxo	Denso	roxa	Lanceolada
UFU 35	Roxo	Denso	variegata	Lanceolada
UFU 36	Roxo	Intermediário	verde clara	Lanceolada
UFU 37	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU-38	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 39	Roxo	Intermediário	verde clara	Lanceolada
UFU 41	Roxo	Esparço	verde	Lanceolada
UFU 42	Roxo	Intermediário	verde clara	Lanceolada
UFU 43	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 44	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 45	Roxo	Intermediário	verde	Lanceolada
UFU 47	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 48	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 49	Roxo	Intermediário	verde clara	Deltóide alongada
UFU 50	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 51	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 52	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 53	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 54	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada

Tabela 1. Continuação...

Acessos	Hipocótilo		Cotilédone	
	Cor	Pubescência	Cor	Forma
UFU 55	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 56	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 57	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 58	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 59	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 60	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 61	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 62	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 63	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 64	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 65	Roxo	Denso	variegata	Lanceolada
UFU 66	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 67	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 68	Roxo	Denso	verde clara	Deltóide alongada
UFU 69	Roxo	Esparço	verde clara	ovalada
UFU 72	Roxo	Denso	verde	Lanceolada
UFU 73	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada
UFU 74	Roxo	Denso	verde clara	Lanceolada
UFU 75	Roxo	Denso	verde	Deltóide alongada

morfológico do alelo *ms*, responsável pela esterilidade masculina (Ramalho et al., 2008). Ademais, a identificação da cor do hipocótilo tem sido rotineiramente estudada como modo de identificar o fluxo gênico entre cultivares (Pereira et al., 2012), tornando-se fundamental na caracterização de germoplasma.

Diversas pesquisas verificaram altas taxas de alogamia no gênero *Capsicum*, especialmente em pimenta. Existem relatos de até 90% de alogamia entre plantas de pimenta (Carvalho e Bianchetti, 2008). Assim, é evidente que o potencial de ocorrência de fluxo gênico é aumentado proporcionando maior chance de contaminações. A caracterização da tonalidade do hipocótilo em pimenteiros pode fomentar futuros estudos que necessitam da identificação prévia de acessos com diferentes cores de hipocótilo.

Para a pubescência no hipocótilo (Tabela 1), mais de 83% dos acessos avaliados apresentaram alta densidade de tricomas, destacando-se os genótipos UFU-10, UFU-14, UFU-15, UFU-17, UFU-21, UFU-24, UFU-26, UFU-30, UFU-35, UFU-43, UFU-48, UFU-50, UFU-52, UFU-53, UFU-56, UFU-58, UFU-59, UFU-60, UFU-62, UFU-63, UFU-64, UFU-66, UFU-67, UFU-68 e UFU-72 como promissores. A presença de pilosidade em hastes e folhas podem proporcionar benefícios contra organismos

prejudiciais para a cultura (Matos et al., 2009). Diversas pesquisas têm comprovado que a presença de tricomas está relacionada com resistência a ácaros e insetos (Matos et al., 2009; Maciel et al., 2017). Genótipos com maior número de tricomas podem ser selecionados para futuros ensaios visando avaliação de níveis de tolerância às principais pragas da pimenta conforme verificado por Matos et al. (2009), o que torna a caracterização da pubescência no hipocótilo tão importante. Tais acessos podem proporcionar algum tipo de não preferência ou efeitos deletérios ocasionado pela liberação de substâncias que podem interferir na oviposição, conforme já relatado em outras espécies (Maciel et al., 2011; Rodrigues et al., 2012; Maciel et al., 2017).

Quanto à coloração dos cotilédones (Tabela 1), apenas 3% dos acessos apresentaram coloração roxa (UFU-35 e UFU-65) e mais de 56% apresentaram coloração dos cotilédones verde clara (UFU-06, UFU-07, UFU-08, UFU-14, UFU-15, UFU-16, UFU-17, UFU-18, UFU-23, UFU-24, UFU-25, UFU-26, UFU-31, UFU-32, UFU-33, UFU-36, UFU-37, UFU-38, UFU-39, UFU-42, UFU-49, UFU-51, UFU-52, UFU-53, UFU-54, UFU-55, UFU-56, UFU-60, UFU-61, UFU-62, UFU-63, UFU-64, UFU-66, UFU-67, UFU-68, UFU-69 e UFU-74). Com relação à forma dos cotilédones, mais de 33%

dos acessos apresentaram cotilédones do tipo deltóide alongado. Esses resultados demonstram variabilidade genética entre os acessos avaliados.

A interpretação do dendrograma quanto ao número de grupos formados pode ser subjetiva. É realizado um exame visual de regiões que resultem na discriminação de grupos distintos, sendo o corte no dendrograma efetuado conforme as mudanças abruptas de níveis (Cruz et al., 2014). O dendrograma obtido pelo método UPGMA demonstrou a formação de sete grupos (Figura 2).

O agrupamento de Tocher (Tabela 2) detectou nove grupos demonstrando coerência em relação ao método UPGMA (Figura 2). Os genótipos pertencentes aos Grupos I e III no dendrograma foram agrupados apenas

em um grupo pelo método Tocher (Grupo I), com exceção dos genótipos UFU-02, UFU-15, UFU-16, UFU-56 e UFU-65. Os genótipos UFU-15 e UFU-16 pertencentes ao Grupo I no dendrograma categorizaram um novo grupo no método de Tocher (grupo III). Os genótipos UFU-04, UFU-31, UFU-41, UFU-69 e UFU-72 formaram grupos individuais para o método de Tocher. Ambos os métodos apresentaram índices do coeficiente de correlação cofenética aceitáveis e similares (UPGMA -0.7287; Tocher -0.7225), significativos pelo teste de t a 0,01 de significância, evidenciando a consistência dos agrupamentos. O coeficiente de correlação cofenética pode ser utilizado para avaliar a consistência do padrão de agrupamento, sendo que valores próximos à unidade indicam melhor

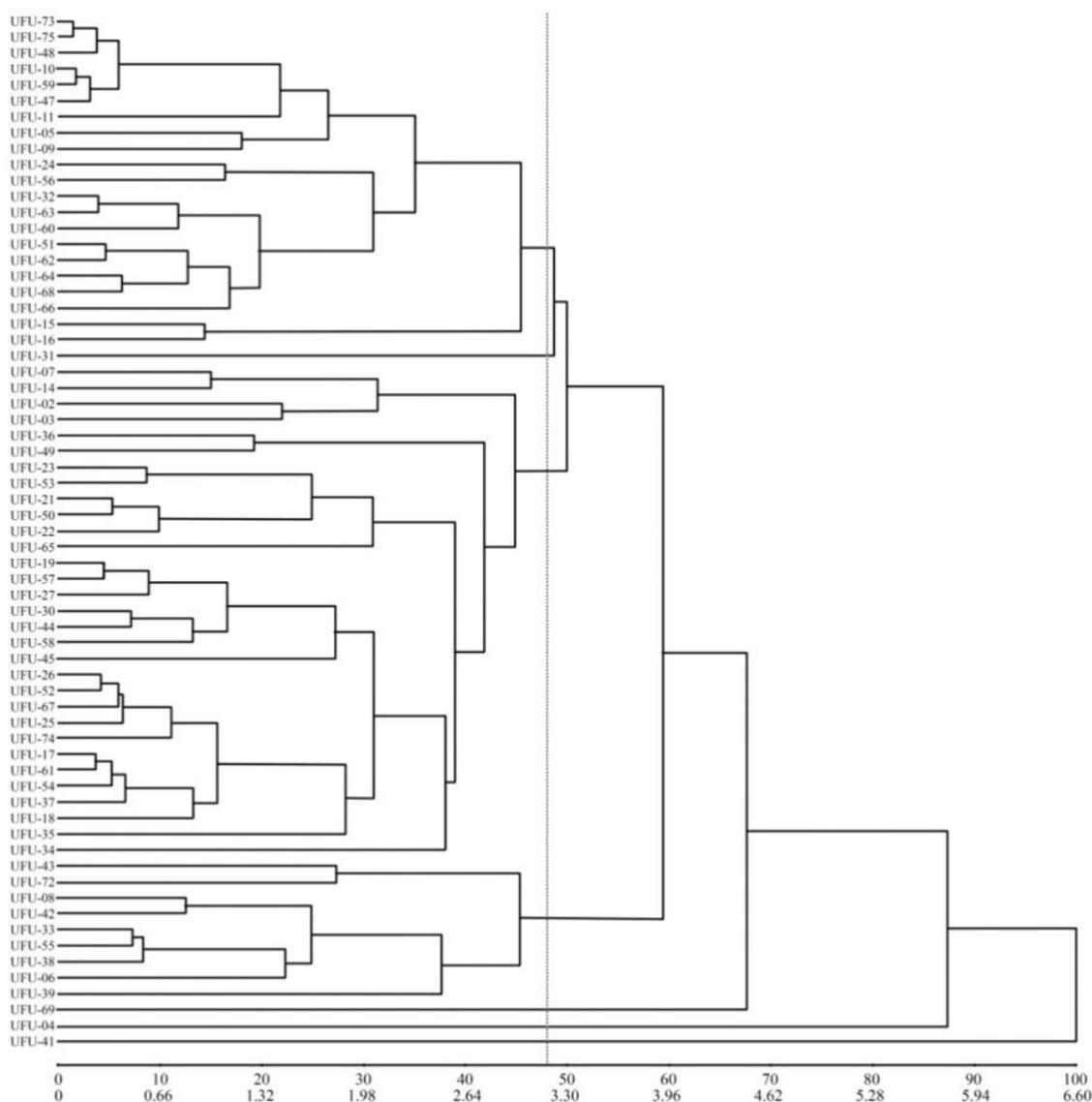


Figura 2. Dendrograma de dissimilaridade genética entre 65 acessos de pimenta do gênero *Capsicum* spp. pelo método UPGMA a partir da análise de caracteres morfológicos na fase de plântulas.

Tabela 2. Agrupamento formado de 65 acessos de pimenta do gênero *Capsicum* spp. pelo método Tocher a partir da análise de caracteres morfológicos na fase de plântulas.

Grupo I	UFU-03 UFU-05 UFU-07 UFU-09 UFU-10 UFU-11 UFU-14 UFU-17 UFU-18 UFU-19 UFU-21 UFU-22 UFU-23 UFU-24 UFU-25 UFU-26 UFU-27 UFU-30 UFU-32 UFU-33 UFU-34 UFU-35 UFU-36 UFU-37 UFU-38 UFU-44 UFU-45 UFU-47 UFU-48 UFU-49 UFU-50 UFU-51 UFU-52 UFU-53 UFU-54 UFU-55 UFU-57 UFU-58 UFU-59 UFU-60 UFU-61 UFU-62 UFU-63 UFU-64 UFU-66 UFU-67 UFU-68 UFU-73 UFU-74 UFU-75
Grupo II	UFU-06 UFU-08 UFU-39 UFU-42 UFU-43 UFU-56
Grupo III	UFU-15 UFU-16
Grupo IV	UFU-02 UFU-65
Grupo V	UFU-72
Grupo VI	UFU-69
Grupo VII	UFU-04
Grupo VIII	UFU-31
Grupo IX	UFU-41

representação (Cargnelutti Filho et al., 2010; Cruz et al., 2014). O resultado mostra a importância do melhorista em comparar mais de um método de agrupamento em busca da diversidade genética.

Faria et al. (2012) e Vasconcelos et al. (2014) em estudo da divergência genética em pimentas, utilizando os métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA, relataram predominância de genótipos em um grupo e formação de grupos com apenas um genótipo. Os resultados observados no presente trabalho corroboram aos obtidos por esses autores.

O agrupamento de Tocher (Tabela 2) apresentou maior poder de discriminação da divergência entre os genótipos quando comparado ao UPGMA. Estes resultados corroboram com outras pesquisas realizadas com germoplasma de pimenta (Vasconcelos et al., 2007; Monteiro et al., 2010). No entanto, esses autores não avaliaram especificamente descritores na fase de plântulas, o que pode prejudicar a interpretação da magnitude dos efeitos da comparação entre os métodos (Tocher *versus* UPGMA). Em contrapartida, Büttow et al. (2010) ao avaliar 20 acessos de *Capsicum annum*, verificaram divergência entre os métodos Tocher e UPGMA, sendo que o método UPGMA identificou mais grupos em relação ao método Tocher.

Os métodos UPGMA e Tocher foram eficientes na categorização dos genótipos de pimenta na fase de plântula. Esses métodos já foram utilizados para determinação da dissimilaridade genética de hastes florais (Vasconcelos et al., 2012) e vegetativa de pimenta (Carvalho et al., 2017) com o mesmo nível de eficiência.

Para uma interpretação satisfatória da variabilidade expressa pelos acessos é necessário que as duas componentes principais permitam uma estimativa maior que 80% de toda variabilidade contida no conjunto de caracteres (Cruz et al., 2014). No presente estudo, as duas primeiras componentes principais explicaram 86,31% da variação, contribuindo no primeiro eixo com 73,84% e no segundo com 12,48% (Figura 3).

A divergência genética foi visualizada principalmente pelo IPCA 1 com grande dispersão destes genótipos (Figura 3). Entretanto, a catalogação de grupos por este método ficou impossibilitada por se tornar inferencial, conferindo grande confiabilidade e permitindo a confecção do gráfico de dispersão bidimensional dos acessos avaliados.

É possível verificar a formação de grupos em gráficos de dispersão. Isso permite o seu uso de forma estratégica para seleção de acessos divergentes, sendo estes, possíveis candidatos para fomentar futuros programas de melhoramento. Entretanto tal caracterização para este trabalho só é possível para identificar genótipos similares e divergentes por meio da fixação de um genótipo de interesse. Apesar da clara divergência entre os genótipos, a catalogação de grupos genéticos ficou impossibilitada por ser uma análise inferencial, tornando a ACP incapaz de determinar com exatidão os grupos genéticos formados. Essa análise foi eficaz apenas em determinar a proximidade e distanciamento de um genótipo perante os demais.

Vale ressaltar que Ferrão et al. (2011) ao avaliar a divergência genética entre características morfo-agronômica

Tabela 3. Características relativas à fase de plântula dos grupos formados pelos métodos UPGMA e Tocher referente a 65 acessos de *Capsicum* spp.

UPGMA						
Grupo	Qualitativa ¹				Quantitativa ²	
	CH	PH	CC	FC	CCF	LCF
1	Roxa	denso	verde-claro	deltóide alongada	13,2	3,90
2	Roxa	denso	verde-claro	lanceolada	12,4	3,81
3	Roxa	denso	verde-claro	lanceolada	16,8	5,27
4	Roxa	espaçado	verde-claro	ovalada	10,9	3,00
5	Verde	intermediário	Verde	lanceolada	20,7	4,20
6	Roxa	intermediário	verde-claro	deltóide alongada	11,9	4,90
7	Roxa	espaçado	Verde	lanceolada	21,5	6,40

Tocher						
Grupo	Qualitativa ¹				Quantitativa ²	
	CH	PH	CC	FC	CCF	LCF
1	Roxa	denso	verde-claro	lanceolada	12,9	3,95
2	Roxa	intermediário	verde-claro	lanceolada	17,5	5,28
3	Verde	denso	verde-claro	deltóide alongada	15,1	3,4
4	verde/roxa	denso	verde/variegato	lanceolada	9,6	2,85
5	Roxa	denso	Verde	lanceolada	13,6	5,90
6	Roxa	espaçado	verde-claro	ovalada	10,9	3,00
7	Verde	intermediário	Verde	lanceolada	20,7	4,20
8	Roxa	intermediário	verde-claro	deltóide alongada	11,9	4,90
9	Roxa	espaçado	Verde	lanceolada	21,5	6,40

CH: cor do hipocótilo; PH: pubescência no hipocótilo; CC: cor do cotilédone; FC: forma do cotilédone; CCF: comprimento do cotilédone foliar; LCF: largura do cotilédone foliar.¹referente a moda e ²referente a média.

em pimentas verificou coerência entre os resultados obtidos pelo método de dispersão gráfica e de agrupamento UPGMA. Os mesmos resultados foram encontrados por Neitzke et al. (2010) ao avaliar 17 acessos de pimenta ornamental. No entanto, no presente estudo, foram avaliados 65 acessos na fase de plântulas e o método de dispersão gráfica revelou poucos grupos, indicativo de menor eficiência em detectar variabilidade genética nesta fase.

A moda e média para cada grupo formado pelos métodos UPGMA e Tocher permitiram identificar características alvo para a diferenciação entre grupos (Tabela 3). Aliado a este resultado, a análise de componentes principais indicou quais variáveis contribuíram de forma mais relevante para a distinção dos grupos, respectivamente: CH, FC, LCF, PH, CC e CCF. A primeira característica que diferenciou os genótipos em questão foi a CH, apesar destes se enquadrarem em apenas duas categorias (verde ou roxo). A característica comprimento do cotilédone foliar foi a que menos influenciou a diferenciação, podendo ser justificado pela maior variabilidade entre os acessos.

A caracterização de plantas de pimenta realizada no estágio de plântulas permite ao melhorista realizar uma pré seleção, tornando possível reduzir a quantidade

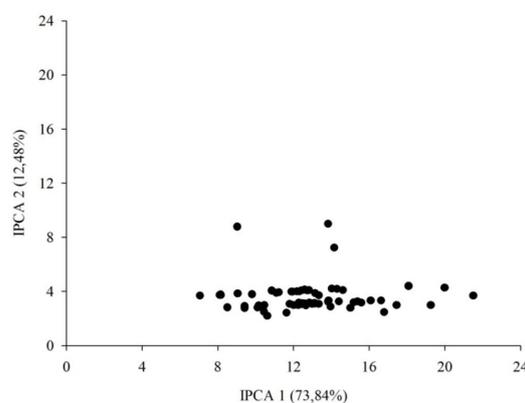


Figura 3. Dispersão de 65 acessos de *Capsicum* spp. em dois componentes principais estimados a partir de seis descritores morfológicos.

de genótipos a serem analisados em futuras gerações. Com isso tem-se a economia de tempo e custo. Os acessos caracterizados neste trabalho são promissores, podendo formentar futuros programas de melhoramento genético de pimenta.

CONCLUSÃO

Houve variabilidade genética entre os 65 acessos avaliados na fase de plântula pertencentes ao Banco de Germoplasma de *Capsicum* spp. da Universidade Federal

de Uberlândia. Os métodos de agrupamento UPGMA e Tocher foram eficientes e coerentes na identificação de grupos distintos de *Capsicum* spp. na fase de plântula. Os caracteres avaliados para plântulas de *Capsicum* spp. neste trabalho não formaram grupos no método de dispersão gráfica.

MATERIAL SUPLEMENTAR

Material suplementar acompanha este artigo. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta. Este material está disponível como parte do artigo on-line em:

<https://drive.google.com/open?id=1mhuyRxC8c1jHhtmyMEmd83tEG6GuBrS>

REFERÊNCIAS

BÜTTOW, M.V., BARBIERI, R.L., NEITZKE, R.S., HEIDEN, G. & CARVALHO, F.I.F., 2010. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. *Ciência Rural*, vol. 40, no. 6, pp. 1264-1269. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782010000600004>.

CARGNELUTTI FILHO, A., STORCK, L. & GUADAGNIN, J.P., 2010. Número de repetições para a comparação de cultivares de milho. *Ciência Rural*, vol. 40, no. 5, pp. 1023-1030. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782010005000073>.

CARVALHO, F.J., MACIEL, G.M., OLIVEIRA, C.S., NOGUEIRA, A.P.O., GLASENAPP, J.A. & SIQUIEROLI, A.C.S., 2017. Comparison of clustering methods to study genetic divergence in pepper accesses at vegetative stage. *Revista Brasileira de Plantas Mediciniais*, vol. 19, no. 2, pp. 236-243. <http://dx.doi.org/10.1590/1983-084X/0040>.

CARVALHO, S.I.C. & BIANCHETTI, L.B., 2008. Botânica e recursos genéticos. In: C.S.C. RIBEIRO, C.A. LOPES, S.I.C. CARVALHO, G.P. HENZ & F.J.B. REIFSCHNEIDER, eds. *Pimentas Capsicum*. Brasília: Embrapa Hortaliças, pp. 39-53.

COLE-RODGERS, P., SMITH, D.W. & BOSLAND, P.W., 1997. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluation using *Capsicum* as an example. *Crop Science*, vol. 37, no. 3, pp. 1000-1002. <http://dx.doi.org/10.2135/cropsci1997.0011183X003700030050x>.

CRUZ, C.D., 2013. Genes: a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta*

Scientiarum. Agronomy, vol. 35, no. 3, pp. 271-276. <http://dx.doi.org/10.4025/actasciagrano.v35i3.21251>.

CRUZ, C.D., CARNEIRO, P.C.S. & REGAZZI, A.J., 2014. *Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético*. 3. ed. Viçosa: Ed. UFV. 668 p.

FARIA, P. N., CECON, P.R., SILVA, A.R., FINGER, F.L., SILVA, F.F., CRUZ, C.D. & SÁVIO, F.L., 2012. Métodos de agrupamentos em estudo de divergência genética de pimentas. *Horticultura Brasileira*, vol. 30, no. 3, pp. 428-432. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362012000300012>.

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 morfoagronômicos. *Horticultura Brasileira*, vol. 29, no. 3, pp. 354-358. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362011000300016>.

GONÇALVES, L.S.A., RODRIGUES, R., AMARAL JÚNIOR, A.T., KARASAWA, M. & SUDRÉ, C.P., 2008. Comparison of multivariate statistical algorithms to cluster tomato heirloom accessions. *Genetics and Molecular Research*, vol. 7, no. 4, pp. 1289-1297.

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*, vol. 8, pp. 1-16. <http://dx.doi.org/10.1371/journal.pone.0056200>.

INTERNATIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE – IPGRI, 1995. *Descritores para Capsicum (Capsicum spp.)*. Roma: IPGRI. 51 p.

MACIEL, G.M., ALMEIDA, R.S., PRISCILA, J., ANDALO, V., MARQUEZ, G.R., SANTOS, N.C. & FINZI, R.R., 2017. Mini tomato genotypes resistant to the silverleaf whitefly and to two-spotted spider mites. *Genetics and Molecular Research*, vol. 16, no. 1, pp. 1-9. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16019539>.

MACIEL, G.M., MALUF, W.R., SILVA, V.F., GONÇALVES NETO, A.C. & GOMES, L.A.A., 2011. Híbridos pré-comerciais resistentes a *Tuta absoluta* obtidos de linhagem de tomateiro rica em acilaçúcares. *Horticultura Brasileira*, vol. 29, no. 2, pp. 151-156. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362011000200003>.

MACIEL, G.M., OLIVEIRA, C.S., SIQUIEROLI, A.C.S., MELO, E.I. & OLIVEIRA, A.H.G., 2016. Genetic

- dissimilarity among the physiochemical characteristics of fruit from pepper accessions. *Bioscience Journal*, vol. 32, no. 4, pp. 978-985. <http://dx.doi.org/10.14393/BJ-v32n4a2016-33893>.
- MATOS, C.H.C., PALLINI, A., VENZON, M., FREITAS, R.C.P., REZENDE, D.D.M. & SCHOEREDER, J.H., 2009. Os tricomas de *Capsicum* spp. interferem nos aspectos biológicos do ácaro-branco *Polyphagotarsonemus latus* Banks (Acari: Tarsonemidae)? *Neotropical Entomology*, vol. 38, no. 5, pp. 589-594. <http://dx.doi.org/10.1590/S1519-566X2009000500005>.
- MONTEIRO, E.R., BASTOS, E.M., LOPES, A.C.A., GOMES, R.L.F. & NUNES, J.A.R., 2010. Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. *Ciência Rural*, vol. 40, no. 2, pp. 258-263. <http://dx.doi.org/10.1590/S0103-84782010005000015>.
- 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 pimenta. *Horticultura Brasileira*, vol. 28, no. 2, pp. 155-161. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362010000200003>.
- NAZ, S., ZAFRULLAH, A., SHAHZADHI, K. & MUNIR, N.O., 2013. Assessment of genetic diversity within germplasm accessions in tomato using morphological and molecular markers. *The Journal of Animal & Plant Sciences*, vol. 23, no. 4, pp. 1099-1106.
- NEITZKE, R.S., BARBIERI, R.L., RODRIGUES, W.F., CORRÊA, I.V. & CARVALHO, F.I.F., 2010. Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. *Horticultura Brasileira*, vol. 28, no. 1, pp. 47-53. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362010000100009>.
- PEREIRA, W.A., SÁVIO, F.L., DIAS, D.C.F.S., CRUZ, C.D. & BORÉM, A., 2012. Fluxo gênico recíproco entre cultivares de soja convencional e geneticamente modificada. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 47, no. 2, pp. 227-236. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2012000200011>.
- RAMALHO, M.A.P., SANTOS, J.B. & PINTO, C.A.B., 2008. *Genética na agropecuária*. 4. ed. Lavras: Ed. UFLA. 464 p.
- RAO, C.R., 1952. *Advanced statistical methods in biometric research*. New York: John Wiley & Sons. 390 p.
- RIBEIRO, C.S.C., LOPES, C.A., CARVALHO, S.I.C., HENZ, G.P. & REIFSCHNEIDER, F.J.B., 2008. *Pimentas Capsicum*. Brasília: Embrapa Hortaliças. 200 p.
- RODRIGUES, N.E.L., BOIÇA JÚNIOR, A.L. & FARIAS, P.R.S., 2012. Antibiose e não preferência para oviposição de *Bemisia tabaci* (Genno.) biótipo b (Hemiptera: Aleyrodidae) por cultivares de *Vigna unguiculata* (L.) WALP. *Arquivos do Instituto Biológico*, vol. 79, no. 1, pp. 25-31. <http://dx.doi.org/10.1590/S1808-16572012000100004>.
- SIGNORINI, T., RENESTO, E., MACHADO, M.F.P.S., BESPALHOK, D.N. & MONTEIRO, E.R., 2013. Genetic diversity of species of *Capsicum* based on allozymes data. *Horticultura Brasileira*, vol. 31, no. 4, pp. 534-539. <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-05362013000400005>.
- SILVA, A.R. & DIAS, C.T.S., 2013. A cophenetic correlation coefficient for Tocher's method. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 48, no. 6, pp. 589-596. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2013000600003>.
- SILVA, L.B., MELO, L.F., SILVA, V.B., PERON, A.P., LOPES, A.C.A. & GOMES, R.L.F., 2017. Divergência genética entre acessos de pimentas com base em descritores morfológicos quantitativos. *Cadernos de Pesquisas*, vol. 29, no. 3, pp. 1-8. <http://dx.doi.org/10.17058/cp.v29i3.9876>.
- SOKAL, R.R. & ROHLF, F.J., 1962. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon*, vol. 11, no. 2, pp. 33-40. <http://dx.doi.org/10.2307/1217208>.
- VASCONCELOS, C.S., BARBIERI, R.L., NEITZKE, R.S., PRIORI, D., FISCHER, S.Z. & MISTURA, C.C., 2012. Determinação da dissimilaridade genética entre acessos de *Capsicum chinense* com base em característica de flores. *Revista Ceres*, vol. 59, no. 4, pp. 493-498. <http://dx.doi.org/10.1590/S0034-737X2012000400009>.
- VASCONCELOS, C.S., BARBIERI, R.L., NEITZKE, R.S., PRIORI, D., FISCHER, S.Z. & MISTURA, C.C., 2014. Distância genética entre variedades crioulas de *Capsicum chinense*. *Magistra*, vol. 26, no. 2, pp. 178-185.
- VASCONCELOS, E.S., CRUZ, C.D., BHERING, L.L. & RESENDE JÚNIOR, M.F.R., 2007. Método alternativo para análise de agrupamento. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, vol. 42, no. 10, pp. 1421-1428. <http://dx.doi.org/10.1590/S0100-204X2007001000008>.