

**Universidade Federal do Piauí**

**Polimorfismo morfoagronômico e citogenético em acessos de  
pimentas do gênero *Capsicum* L.**

**Breno Machado de Almeida**

Dissertação apresentada à Universidade Federal do Piauí como parte das exigências do Programa de Pós-Graduação em Genética e Melhoramento para obtenção do título de “Mestre”.

**Teresina  
2020**

**Breno Machado de Almeida**  
**Licenciado em Ciências Biológicas**

**Polimorfismo morfoagronômico e citogenético em acessos de  
pimentas do gênero *Capsicum* L.**

**Orientadora:**

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Lidiane de Lima Feitoza

**Coorientadores:**

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Ângela Celis de Almeida Lopes

Prof<sup>a</sup>. Dr<sup>a</sup>. Verônica Brito da Silva

**Dissertação apresentada à  
Universidade Federal do Piauí, como  
parte das exigências do Programa de  
Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento, para a obtenção do  
título de “Mestre”.**

**Teresina**  
**2020**

FICHA CATALOGRÁFICA  
Universidade Federal do Piauí  
Biblioteca Setorial do Centro de Ciências Agrárias  
Serviço de Processos Técnicos

A447p Almeida, Breno Machado de.  
Polimorfismo morfoagronômico e citogenético em acessos de  
pimentas do gênero *Capsicum* L. / Breno Machado de Almeida. -- 2020.  
123 f.

Dissertação (Mestrado) – Universidade Federal do Piauí, Centro de  
Ciências Agrárias, Programa de Pós-Graduação em Genética e  
Melhoramento, Teresina, 2020.  
“Orientadora: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Lidiane de Lima Feitoza.”  
“Coorientadores: Prof.<sup>a</sup> Dr.<sup>a</sup> Ângela Celis de Almeida Lopes, Prof.<sup>o</sup>  
Dr.<sup>o</sup> Verônica Brito da Silva.”

1. Pimentas – Melhoramento genético. 2. Pimentas *Capsicum* –  
Recursos genéticos. 3. Bandeamento cromossômico. 4. Heterocromatina  
constitutiva. I. Feitoza, Lidiane de Lima. II. Lopes, Ângela Celis de  
Almeida. III. Silva, Verônica Brito da. IV. Título.

CDD 583.952

**Polimorfismo morfoagronômico e citogenético em acessos de pimentas do gênero *Capsicum* L.**

**Breno Machado de Almeida**

**Licenciado em Ciências Biológicas**

**Aprovado em 26/06/2020**

**Comissão Julgadora:**



Handwritten signature of Ana Paula Peron in black ink.

---

**Profa. Dra. Ana Paula Peron - UTFPR**



Handwritten signature of Livia do Vale Martins in blue ink.

---

**Profa. Dra. Livia do Vale Martins – UFPE**



Handwritten signature of Verônica Brito da Silva in blue ink.

---

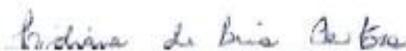
**Profa. Dra. Verônica Brito da Silva - PNP/PPGM/UFPI**



Handwritten signature of Ângela Celis de Almeida Lopes in blue ink.

---

**Profa. Dra. Ângela Celis de Almeida Lopes - CCA/UFPI**



Handwritten signature of Lidiane de Lima Feitoza in blue ink.

---

**Profa. Dra. Lidiane de Lima Feitoza – CCN/UFPI**  
**Orientadora**

## **AGRADECIMENTOS**

À Universidade Federal do Piauí (UFPI), pela oportunidade de cursar o mestrado em Genética e Melhoramento PPGM/UFPI;

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e à Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Piauí (FAPEPI), pela concessão da bolsa;

Agradecimento em especial à professora Lidiane de Lima Feitoza, que aceitou o desafio de me orientar. Obrigado por seus ensinamentos e orientações. Muito obrigado;

Gostaria de agradecer às professoras Ângela Celis de Almeida Lopes e Verônica Brito da Silva pela coorientação durante a execução desse trabalho acadêmico, vocês foram mais do que simples coorientadoras, foram essenciais no meu crescimento e amadurecimento como pessoa e profissional;

Agradeço à professora Regina Lucia Ferreira Gomes pela solidariedade a mim prestada durante o início do curso, jamais esquecerei por ter conseguido um “cantinho” para eu morar quando não tinha para onde ir. . Jamais esquecerei tal ato de bondade;

Também devo agradecimentos ao Raimundo Nonato Coelho Júnior e à Luciana Andrea da Costa Soares por terem me recebido de braços abertos em seu apartamento, muito obrigado pela estadia e convivência durante esse período. Agradecimentos também ao Thales Eduardo Galdino Andrade pelo acolhimento;

Ao Gérson do Nascimento Costa por ter me ajudado a elaborar o experimento de campo com as pimentas, sua ajuda e conhecimento foram essenciais na execução dessa etapa. Também agradeço ao Rafael Almeida pela orientação e análises estatísticas;

Aos professores do PPGM, obrigado pelos seus ensinamentos e conhecimentos compartilhados;

Aos meus amigos do Laboratório de Citogenética Vegetal, em especial ao Yago de Oliveira Martins, Jarbson Henrique Oliveira Silva, Michelly de Deus Felipe Araújo e Jandeson Silva Costa, obrigado pela amizade, união e colaboração durante a execução o meu projeto. Obrigado pelos momentos de descontração e diversão no laboratório;

Agradecimentos aos integrantes do Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas (RGMP) por toda a ajuda no plantio e cuidado das pimentas, em especial ao Kenne Rocha e Guilherme Luz;

À Lívia do Vale Martins, pelos ensinamentos, sobretudo na parte de citogenética, graças à sua ajuda eu obtive ótimos resultados no meu trabalho;

Aos meus amigos da turma 2018.1, Aryanny Paula, Clediane Macêdo, João Gabriel, Kelvin Teixeira, Regina Maria, Vanessa Gomes e Wilson Assunção, obrigado pelos momentos de estudos, solidariedade e diversão, em especial ao meu amigo Maurício dos Santos Araújo, pela ajuda nas minhas análises e pela amizade e cumplicidade durante esse trajeto;

Agradeço à minha família, em especial aos meus pais, Antônio Batista de Almeida e Francileuza Machado de Almeida, pela sua garra e força de vontade de me proporcionar uma vida melhor. Gostaria também de agradecer aos meus avós maternos, Francisco Chagas e Maria do Socorro, pelas pequenas ajudas financeiras durante a minha estada. Além disso, também sou grato por terem me incentivado a trilhar essa difícil trajetória do meu mestrado;

Agradeço à minha namorada Raila Soares Martins, pelo amor, carinho, apoio, amizade e cumplicidade durante essa jornada;

A todas as pessoas que, de forma indireta, contribuíram durante a minha vida acadêmica na pós-graduação, meus sinceros agradecimentos.

## SUMÁRIO

1 INTRODUÇÃO .....	14
2 REVISÃO DE LITERATURA.....	15
2.1 Aspectos botânicos do gênero <i>Capsicum</i> .....	15
2.2 Centro de origem, diversificação e domesticação de <i>Capsicum</i> .....	20
2.3 Importância Socioeconômica das pimentas .....	28
2.4 Composição química e propriedades terapêuticas de <i>Capsicum</i> .....	30
2.5 Conservação de recursos genéticos e bancos de germoplasma de pimentas .....	31
2.6 Diversidade genética por meio de marcadores morfológicos.....	37
2.7 Caracterização citogenética de pimentas <i>Capsicum</i> .....	39
2.7.1 Citogenética molecular.....	43
Referências.....	45
3 Caracterização morfoagronômica e estimativa da diversidade genética em pimentas do gênero <i>Capsicum</i> L.....	69
3.1 Introdução.....	70
3.2 Material e Métodos .....	72
3.3 Resultados e Discussão.....	75
3.4 Conclusão.....	89
Referências.....	89
4 Bandeamento cromossômico em espécies cultivadas de pimentas <i>Capsicum</i> L. (Solanaceae) utilizando fluorocromos CMA <sub>3</sub> e DAPI.....	96
4.1 Introdução.....	97
4.2. Materiais e Métodos .....	98
4.3. Resultados e Discussão.....	101
4.4 Conclusões.....	116
Referências.....	117
5 CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	122

## RESUMO

ALMEIDA, B. M. **Polimorfismo morfoagronômico e citogenético em acessos de pimentas do gênero *Capsicum* L.** 2020. 123f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento) – Universidade Federal do Piauí, 2020.

O gênero *Capsicum* é originário das Américas e é representado pelas pimentas e pimentões, grupo com notável variabilidade genética, sobretudo na cor, forma e tamanho dos frutos. O Brasil, por sua vez, é considerado um centro secundário de diversidade para espécies domesticadas e silvestres. Contudo, a sua diversidade genética é pouco conhecida e explorada comercialmente. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo realizar a caracterização morfoagronômica e citogenética em acessos de *Capsicum* oriundos do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI). Foram caracterizados 21 acessos de *Capsicum* por meio de sete descritores quantitativos e 13 descritores qualitativos multicategóricos. Para estimar a diversidade genética entre os acessos, foi realizada a análise de variância univariada (ANOVA), agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott, método de otimização de Tocher modificado, análise de componentes principais e agrupamento hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). Observaram-se diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) para todos os caracteres quantitativos. A análise de componentes principais mostrou que, apenas no terceiro componente (CP3), 77,37 % da variação foi acumulada. Os descritores número de dias para florescimento, número de dias para maturação, largura do fruto e peso fruto foram os que mais contribuíram para divergência entre os genótipos. Contudo, pelo método de Singh, a dissimilaridade foi atribuída pelos descritores número de dias para florescimento e altura da planta. Através do método de otimização de Tocher sequencial, foi possível agrupar os acessos em quatro grupos, de acordo com os descritores qualitativos multicategóricos. O dendrograma estabelecido pelo método UPGMA formou cinco grupos a partir da combinação de variáveis qualitativas e quantitativas. A caracterização citogenética foi realizada utilizando os fluorocromos CMA<sub>3</sub> e DAPI em 16 acessos de pimentas. Todos os acessos apresentaram  $2n = 24$  cromossomos de morfologia metacêntrica e submetacêntrica, núcleo interfásico semirreticulado e padrão de condensação *Solanum*-like. Os diferentes acessos de *Capsicum* apresentaram variável polimorfismo de bandas heterocromáticas revelados pela dupla coloração de CMA/DAPI. As marcações CMA ocorreram predominantemente nas regiões terminais e variaram de alta e moderadamente repetitiva em relação à composição de guanina-citosina (GC). Bandas DAPI não foram visualizadas. O padrão de marcação com CMA variou de seis bandas BAGC 114 (*C. annuum*) a 26 blocos variáveis em BAGC 81 (*C. baccatum* var. *pendulum*). Em todos os acessos, foram identificadas pelo menos duas bandas terminais fortemente coradas (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>) e ligeiramente distendidas em pelo menos um par cromossômico. A partir da caracterização fenotípica e citogenética, foi possível observar uma ampla variabilidade genética presente nos genótipos de *Capsicum* alocados no BAGC-UFPI em termos de tamanho, cor e forma dos frutos, assim como, polimorfismo cariotípico na morfologia, tamanho cromossômico, padrão e distribuição de bandas heterocromáticas em táxons diferentes e entre indivíduos da mesma espécie. As informações obtidas no presente trabalho contribuíram para uma melhor compreensão acerca do acervo de acessos de *Capsicum* presentes no BAGC-UFPI

e podem contribuir, adicionalmente, para trabalhos futuros de melhoramento genético e conservação dos bancos de germoplasma de pimentas *Capsicum*.

**Palavras-chave:** Pimentas *Capsicum*; recursos genéticos, melhoramento genético, bandeamento cromossômico, heterocromatina constitutiva.

## ABSTRACT

ALMEIDA, B. M. **Morpho-agronomic and cytogenetic polymorphism in accessions of peppers of the genus *Capsicum* L.** 2020. 123f. Dissertation (Master/Genetics and Breeding) – Universidade Federal do Piauí, 2020.

*Capsicum* genus is original from the Americas and is represented by peppers and sweet peppers, a group with remarkable genetic variability, especially of color, shape and size of the fruits. In turn, Brazil is considered a secondary center of diversity for domesticated and wild species. However, its genetic diversity is poorly understood and commercially unexploited. In this context, the present study aimed to perform the morpho-agronomic and cytogenetic characterization of *Capsicum* accessions belonging to *Capsicum* Germplasm Bank of Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI). Twenty-one *Capsicum* accessions were characterized by 13 qualitative multi-categorical descriptors and seven quantitative descriptors. To estimate the genetic diversity between accessions, analysis of variance (ANOVA), grouping of means by the Scott-Knott test, modified Tocher's optimization method, principal component analysis (PCA) and unweighted pair group method with arithmetic mean (UPGMA) was performed. Significant differences were observed ( $p < 0.05$ ) for all quantitative characters. The principal component analysis showed that only in the third component (CP3), 77.37% of the variation was accumulated. The descriptors number of days for flowering, number of days for maturation, fruit width and fruit weight were that most contributed to the divergence among the genotypes. However, by Singh's method, dissimilarity was attributed by number of days to flowering and plant height descriptors. By the sequential Tocher optimization method, it was possible to group the accessions into four groups according to the qualitative multi-categorical descriptors. The dendrogram established by the UPGMA method formed five groups based on the combination of qualitative and quantitative variables. The cytogenetic characterization was performed using CMA<sub>3</sub> and DAPI fluorochromes in 16 accessions of peppers. All accessions presented  $2n = 24$  chromosomes with metacentric and submetacentric morphology, semi-reticulated interphasic nucleus and *Solanum*-like condensation pattern. The different accessions of *Capsicum* showed variable polymorphism of heterochromatic bands revealed by CMA / DAPI double staining. The CMA bands occurred predominantly in the terminal regions and varied from highly and moderately repetitive in relation to the composition of guanine-cytosine (GC). DAPI bands were not viewed. The CMA pattern ranged from six bands in BAGC 114 (*C. annuum*) to 26 variable blocks in BAGC 81 (*C. baccatum* var. *pendulum*). In all accessions, we identified at least two terminal bands strongly stained (CMA<sup>++</sup>/DAPI) and slightly distended in at least one chromosome pair. The CMA marks occurred predominantly in the terminal regions and varied from highly and moderately repetitive in relation to the composition of guanine-cytosine (GC). DAPI bands were not viewed. The CMA banding pattern ranged from six BAGC 114 bands (*C. annuum*) to 26 variable blocks in BAGC 81 (*C. baccatum* var. *pendulum*). In all the accessions, at least two terminal bands were strongly stained (CMA<sup>++</sup>/DAPI) and slightly distended in at least one pair. Based on the phenotypic and cytogenetic characterization, it was possible to observe a wide genetic variability present in the *Capsicum* genotypes belonging to the BAGC-UFPI in terms of size, color and shape of the fruits, as well as karyotype polymorphism regarding to the morphology, chromosome size, pattern and distribution of the heterochromatic bands in different taxa and among individuals of the same species. The information here contributed to

a better understanding of the *Capsicum* accession collection belonging to the BAGC-UFPI and may additionally contribute to future studies of genetic breeding and conservation of *Capsicum* peppersgermplasm bank.

**Keywords:** *Capsicum* peppers; genetic resources, breeding genetic, chromosomal banding, constitutive heterochromatin.

**LISTA DE ABREVIATURAS**

AT Adenina e Timina

BAGC Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*

CMA Cromomicina A<sub>3</sub>

DAPI 4'-6-diamino-2-fenilindol

DNA Ácido desoxirribonucléico

DNAr DNA ribossomal

FISH Hibridização *in situ* Fluorescente

GC Guanina e Citosina

HC Heterocromatina Constitutiva

## LISTA DE TABELAS

<b>Tabela 1</b> - Relação das espécies descritas do gênero <i>Capsicum</i> .....	16
<b>Tabela 2</b> - Espécies e variedades do gênero <i>Capsicum</i> distribuídas pelo grau de domesticação e proximidade genética. ....	20
<b>Tabela 3</b> - 21 acessos de <i>Capsicum</i> , provenientes do Banco Ativo Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI).....	<b>Erro! Indicador não definido.</b>
<b>Tabela 4</b> - Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação experimental (CV) obtidos na análise de variância de sete descritores quantitativos de pimentas, avaliados em 21 acessos, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de <i>Capsicum</i> , da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI).....	75
<b>Tabela 5</b> - Médias de sete descritores quantitativos avaliados em 21 acessos de pimentas, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de <i>Capsicum</i> , da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI). ....	77
<b>Tabela 6</b> - Componentes principais (CPs), autovalores (AV), porcentagem da variância explicada e proporção acumulada (%) para sete descritores quantitativos avaliados em 21 acessos de pimentas, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de <i>Capsicum</i> , da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI). ....	80
<b>Tabela 7</b> - Coeficientes de ponderação dos dois primeiros componentes principais com base em sete descritores quantitativos, avaliados em 21 acessos de pimentas, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de <i>Capsicum</i> , da Universidade Federal do Piauí (BAGC – UFPI). ....	81
<b>Tabela 8</b> - Agrupamento dos 21 acessos de pimentas <i>Capsicum</i> , estabelecidos pelo método de Tocher Sequencial, a partir da distância euclidiana, com base em 13 descritores qualitativos multicategóricos, com correlação cofenética = 0,86. ....	83
<b>Tabela 9</b> - Acessos de pimentas pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de <i>Capsicum</i> da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI).....	99
<b>Tabela 10</b> - Número cromossômico diploide (2n), intervalo do tamanho cromossômico (ITC), média da razão entre os braços do cromossomo (r), fórmula cariotípica (FC), comprimento total cromossômico (CTC), comprimento médio cromossômico (CMC), comprimento total do lote haploide (CTLH) e número de bandas CMA/DAPI (CMA <sub>3</sub> /DAPI) de acessos de pimentas <i>Capsicum</i> pertencentes ao BAGC-UFPI. ++ representam bandas CMA mais fortemente coradas e bandas +, bandas CMA medianamente coradas e CMA/DAPI- bandas fracamente coradas. 0 representa banda AT neutra e -, banda AT reduzida. ....	105
<b>Tabela 11</b> - Número de bandas CMA/DAPI e percentual de heterocromatina observada nos acessos de <i>Capsicum</i> L. do Banco Ativo de Germoplasma de <i>Capsicum</i> (BAGC) da UFPI.....	114

## LISTA DE FIGURAS

- Figura 1.** Variabilidade genética das cinco espécies domesticadas do gênero *Capsicum*. (A-E) *Capsicum annuum*; (F-I) *Capsicum baccatum*; (J-M) *Capsicum chinense*; (N-P) *Capsicum frutescens*; (Q) *Capsicum pubescens*. Fotos: Autor (A-P); Raquel Silviana e Rosa Lía Barbieri (Q)..... 18
- Figura 2.** Representação esquemática da origem e dispersão das espécies do gênero *Capsicum*. As diferentes cores e formas geométricas representam as áreas de distribuição dos 11 clados. As setas indicam a ocorrência e dispersão de linhagens monofiléticas. Fonte: Carrizo-García et al. (2016).....21
- Figura 3.** Representação esquemática dos três pools gênicos de *Capsicum*. Adaptado de Zonneveld et al. (2015). .....32
- Figura 4.** Acessos de pimentas *Capsicum* do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí. Fotos: Autor.....76
- Figura 5.** Contribuição relativa de sete caracteres para o estudo de diversidade genética, proposto por Singh (1981), em 21 acessos, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*, da Universidade Federal do Piauí (BAGC – UFPI).79
- Figura 6.** Dispersão gráfica via análise de componentes principais – PCA, considerando os dois primeiros componentes para sete descritores quantitativos de 21 acessos de pimentas, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*, da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI).....82
- Figura 7.** Dendrograma obtido a partir da análise combinada de descritores quantitativos e qualitativos em 50 acessos de *Capsicum*, por meio da distância generalizada de Gower e do método de agrupamento UPGMA. Corte a 40% formando cinco grupos e coeficiente de correlação cofenética ( $r$ )= 0,82. ....87
- Figura 8.** Dupla coloração CMA/DAPI em acessos de *Capsicum* spp. Setas indicam blocos de CMA<sup>++</sup>. Cabeças de setas indicam pequenos blocos de CMA<sup>+</sup> de difícil visualização, sendo amplificados em todos os insertos. Em azul (DAPI), e em amarelo (CMA). Barra indica 10  $\mu$ m. .... 108
- Figura 9.** Dupla coloração CMA/DAPI em acessos de *Capsicum* spp. Setas indicam blocos de CMA<sup>++</sup>. Cabeças de setas indicam pequenos blocos de CMA<sup>+</sup> de difícil visualização, sendo amplificados em todos os insertos. Em azul (DAPI), e em amarelo (CMA). Barra indica 10  $\mu$ m. .... 109
- Figura 10.** Dupla coloração CMA/DAPI em acessos de *Capsicum* spp. Setas indicam blocos de CMA<sup>++</sup>. Cabeças de setas indicam pequenos blocos de CMA<sup>+</sup> de difícil visualização, sendo amplificados em todos os insertos. Em azul (DAPI), e em amarelo (CMA). Barra indica 10  $\mu$ m. .... 110
- Figura 11.** Idiogramas representando o tamanho, morfologia e distribuição de bandas CMA nos cromossomos dos acessos de pimentas *Capsicum* pertencentes ao BAGC – UFPI. .... 111

## 1 INTRODUÇÃO

O gênero *Capsicum* L. têm como representantes as pimentas e pimentões, e pertence à família das solanáceas. As pimentas são amplamente apreciadas na culinária mundial pelo seu ardor e sabor peculiar. Além disso, estão inseridas em diferentes culturas como alimentos, plantas ornamentais e medicamentos.

Dentro do gênero, destacam-se as cinco espécies domesticadas e economicamente importantes: *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense*, *C. frutescens* e *C. pubescens*. O Brasil, por sua vez, se sobressai por ser um centro de diversidade de espécies domesticadas, semidomesticadas e silvestres. Entretanto, ações antrópicas vêm causando um processo de deterioração dos recursos genéticos, denominado de erosão genética, com perda significativa da variabilidade genética.

Diante disso, surge a necessidade de adotar estratégias de conservação dos recursos genéticos vegetais, tais como, os bancos de germoplasma. Nesse sentido, foi criado o Banco de Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI) que possui um acervo de mais de 250 acessos de *Capsicum* pertencentes às espécies *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense* e *C. frutescens*. Os genótipos são provenientes das regiões Norte, Nordeste, Sudeste, Centro-Oeste e Sul do Brasil.

O Banco tem com um dos objetivos de conservar a variabilidade genética de *Capsicum* e utilizá-la como matéria-prima em programas de melhoramento genético e conservação. Nesse contexto, é essencial uma caracterização detalhada da variabilidade genética de *Capsicum*, abrangendo, dados geográficos, morfológicos, moleculares e citogenéticos.

A caracterização morfoagronômica vem sendo amplamente utilizada para descrever a variabilidade genética presente nos bancos de germoplasma de *Capsicum*. É uma metodologia prática, barata e rápida para programas de melhoramento que dispõem de poucos recursos financeiros e humanos.

Somado a isso, estudos citogenéticos utilizando diferentes abordagens têm provido importantes informações sobre a diversidade inter e intraespecífica de *Capsicum*, contribuindo significativamente sobre a sistemática, genética, evolução e melhoramento genético de *Capsicum*.

Diversos trabalhos vêm sendo realizados em acessos de *Capsicum* do BAGC-UFPI com base em descritores morfológicos e marcadores citogenéticos. Tais

estudos demonstraram uma ampla variabilidade genética em termos de formatos, tamanhos, cores de frutos, assim como, polimorfismo cariotípico intra e interespecífico. Além disso, foram identificados genótipos com potencial ornamental de acordo com os padrões estabelecidos pelo Instituto Brasileiro de Floricultura. Contudo, esses resultados são pré-eliminatórios, ainda existem ausência de informações morfológicas, moleculares, citogenéticas, para diversos acessos mantidos no BAGC-UPI.

Por conseguinte, este trabalho foi estruturado mediante a intenção de caracterizar morfoagronomicamente e citogeneticamente, acessos de *Capsicum* pertencentes ao o Banco de Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI) visando fornecer dados que possam auxiliam em programas de melhoramento e manutenção dos recursos genéticos do gênero *Capsicum*.

## **2 REVISÃO DE LITERATURA**

### **2.1 Aspectos botânicos do gênero *Capsicum***

O gênero *Capsicum* reúne, atualmente, pelo menos 41 espécies (Tabela 1) divididas em 11 clados (CARRIZO GÁRCIA et al., 2016; BARBOZA et al., 2019, 2020). Entretanto, novas espécies estão sendo descobertas e descritas em expedições de campo, assim como em revisões de coleções de herbário (NEE; BOHS; KNAPP, 2006; BARBOZA et al., 2011; 2019; 2020).

De acordo com o Angiosperm Phylogeny Group (APG), as plantas do gênero estão incluídas no Reino Plantae, Filo Tracheophyta, Divisão Magnoliophyta, Classe Magnoliopsida, Ordem Solanales e Família Solanaceae, Subfamília Solanoideae, Tribo Capsiceae (APG III, 2009). Esse grupo apresenta grande importância socioeconômica, incluindo as pimentas e pimentões, especiarias e vegetais que são amplamente cultivados e consumidos em todo o mundo (PICKERSGILL, 1997; CASTILLA et al., 2019).

As espécies de *Capsicum* são arbustos (cultivo anual), geralmente de pequeno porte. Contudo, algumas plantas podem atingir até 5 metros. Apresentam sistema radicular pivotante, caule lenhoso ou semi-lenhoso, ereto ou recurvado. Suas folhas geralmente são lanceoladas (forma de lança), com uma gama de tonalidades verdes e nervuras proeminentes (PICKERSGILL, 1997).

**Tabela 1.** Relação das espécies descritas do gênero *Capsicum*.

Clado	Espécies	
1. Andino	<i>C. dimorphum</i> <i>C. geminifolium</i> <i>C. hookerianum</i> <i>C. longifolium</i>	<i>C. rhomboideum</i> <i>C. lanceolatum</i> <i>C. lycianthoides</i> <i>C. piuranum</i>
2. Caatinga	<i>C. caatingae</i>	<i>C. parvifolium</i>
3. Flexuosum	<i>C. flexuosum</i>	
4. Boliviano	<i>C. caballeroi</i> <i>C. coccineum</i> <i>C. neei</i>	<i>C. ceratocalyx</i> <i>C. minutiflorum</i>
5. Longidentatum	<i>C. longidentatum</i>	
6. Mata Atlântica	<i>C. campylopodium</i> <i>C. friburgense</i> <i>C. mirabile</i> <i>C. recurvatum</i> <i>C. villosum</i> <i>C. carassense</i>	<i>C. cornutum</i> <i>C. hunzikerianum</i> <i>C. pereirae</i> <i>C. schottianum</i> <i>C. buforum</i>
7. Corola Roxa	<i>C. cardenasii</i> <i>C. eximium</i>	<i>C. eshbaughii</i>
8. Pubescens	<i>C. pubescens</i>	
9. Tovarii	<i>C. tovarii</i>	
10. Baccatum	<i>C. baccatum</i> <i>C. praetermissum</i>	<i>C. chacoense</i>
11. Annuum	<i>C. annuum</i> <i>C. frutescens</i>	<i>C. chinense</i> <i>C. galapagoense</i>
	<i>C. benoistii</i> *	

Fonte: Tong, Bosland (2003); Carrizo García et al. (2016); Barboza et al. (2019); Barboza, Bianchetti e Stehmann, 2020. \* Espécie sem clado definido.

As pimentas/pimentões produzem flores principalmente estreladas (corola pentâmera), hermafrodita autógama e hipógina (Figura 1B), que apresentam diversos padrões de pigmentação, algumas podendo ter uma única cor ou podem ser manchadas. Além disso, exibem uma característica excepcional dentro das solanáceas: um cálice inteiro em forma de taça, com cinco a dez dentes como prolongamentos nervosos, traço compartilhando apenas com *Lycianthes sp.* (PICKERSGILL, 1997, DEAN, 2004; DEAN et al., 2017).

A presença de um cálice não lobulado com prolongamentos semelhantes a dentes (Figura 1A) é um caráter singular que distinguem a tribo Capsiceae

(*Capsicum* e *Lycianthes*) das demais tribos solanáceas. Todavia, existem espécies em ambos os gêneros que possuem cálices com dentes vestigiais ou desdentados. Esse último, por sua vez, foi descrito em apenas algumas espécies, como *C. dimorphum*, *C. caatingae*, *C. pereirae* e em todos os representantes do clado Annuum (DEAN, 2004; BARBOZA et al., 2011; COSTA-SILVA; AGRA, 2018).

Os pedicelos das flores de *Capsicum* podem ser do ápice geniculado, isto é, em forma de “joelho”, formando praticamente um ângulo reto de 90° (Figura 1I). Por outro lado, os pedicelos não-geniculados mantêm as flores em um estado pendente (Figura 1J), sendo considerado um caráter plesiomórfico, dado que é compartilhado na maioria das espécies de grupos externos (*Lycianthes spp.*; *Aureliana spp.*; *Saracha spp.*) e nos primeiros clados divergentes de *Capsicum*. Ao longo da história evolutiva do gênero, pedicelos geniculados evoluíram diversas vezes, algumas em espécies únicas (*C. minutiflorum*) ou em pequenos clados (clado Tovarii). Entretanto, também ocorrem algumas reversões para o estado ancestral não-geniculado em algumas espécies silvestres (*C. campylopodium*, clado Mata Atlântica) e na espécie domesticada *C. chinense* (TONG; BOSLAND, 1999; ESHBAUGH; SMITH, NICKRENT, 1983).

As pimenteiras do gênero *Capsicum* possuem frutos do tipo baga, estrutura oca e capsular (Figura 1G), apresentando uma grande diversidade em termos de tamanho, forma, cor, composição química e grau de pungência (CISNEROS-PINEDA et al., 2007; CHUAH et al., 2008).

A cor mais frequente dos frutos de pimentas é a vermelha, contudo, diferentes tonalidades, tais como vermelho escuro, laranja, salmão, amarelo, amarelo-leitoso, roxo e, em alguns casos pretos, são observadas em algumas espécies do grupo. Essa característica é compartilhada com outros gêneros, incluindo todas as espécies do gênero *Lycianthes*, grupo-irmão de *Capsicum*. Desse modo, pode ser considerada uma plesiomorfia (caráter primitivo), enquanto as demais variações de cores podem ser consideradas caracteres derivados (CARVALHO; BIANCHETTI, 2008; DEAN et al., 2017; COSTA-SILVA; AGRA, 2018). Em relação à morfologia dos frutos, existem variações intra e interespecíficas, desde frutos triangulares, campanulados, ovais a alongados (PADILHA et al., 2015; PADILHA; BARBIERI, 2016).



**Figura 1.** Variabilidade genética das cinco espécies domesticadas do gênero *Capsicum*. (A-E) *Capsicum annuum*; (F-I) *Capsicum baccatum*; (J-M) *Capsicum chinense*; (N-P) *Capsicum frutescens*; (Q) *Capsicum pubescens*. Fotos: Autor (A-P); Raquel Silviana e Rosa Lía Barbieri (Q).

Provavelmente, a característica mais inerente de *Capsicum* é a pungência dos seus frutos. A pungência é derivada de um conjunto de compostos alcaloides intimamente relacionados, denominados capsaicinoides. Esses são responsáveis pela sensação de “ardência” dos frutos de *Capsicum* (NAVES et al., 2019). Esses

fitoquímicos têm como principais representantes a capsaicina e a dihidrocapsaicina, correspondendo em cerca de 90% de todos os capsaicinoides (CHOI et al., 2006). Sua síntese ocorre nas células epidérmicas da placenta. Em seguida, são secretados e armazenados em estruturas designadas “bolhas” na superfície placentária. Apenas os frutos de pimentas sintetizam essas substâncias na natureza (STEWART et al., 2007).

A pungência é uma apomorfia (caráter derivado) em *Capsicum*, e parece ter surgido após a divergência do clado Andino. Porém, ocorreram, ao longo da evolução do grupo, algumas reversões ao estado ancestral de não-pungência, por exemplo, em *C. longidentatum*, em algumas cultivares de *C. annum* (pimentões) e *C. chinense* (pimenta-de-cheiro), e em algumas populações de *C. chacoense*, *C. eximium* e *C. flexuosum* (GARCÉS-CLAVER et al., 2007; BARBOZA et al., 2011a,b; CARRIZO GÁRCIA et al., 2011, 2016).

A pigmentação das sementes também é variável dentro do táxon, desde o ocre cremoso até castanho escuro (Figura 1P). Contudo, semente ocre é prevalente na maioria das espécies de *Capsicum* e *Lycianthes*, sendo assim, considerada uma característica plesiomórfica. A cor castanho-marrom (Figura 1Q), que está presente em algumas espécies tais como, *C. pubescens*, *C. dimorphum* e *C. flexuosum*, é conceituada como um estado homoplásico que caracteriza todas as espécies do clado da Mata Atlântica. Além disso, é um descritor comumente utilizado para distinguir espécies (WILLIAMS, 1993; MEDINA; LOBO; GÓMEZ, 2006; CARRIZO GARCÍA, 2011; CARRIZO GARCÍA et al., 2016; COSTA-SILVA; AGRA, 2018,).

De acordo com Pickersgill (1991), as espécies de *Capsicum* são agrupadas em função do nível de exploração pelo homem: domesticadas (extensamente cultivadas), semidomesticadas (pouco cultivadas) e silvestres (não cultivadas) (Tabela 2). Além disso, foram reconhecidos três complexos genéticos com base na relação genética, cruzabilidade (capacidade reprodutiva) com os táxons domesticados (EMBODEN, 1961; ESHBAUGH, 1970; BARCHENGER; BOSLAND, 2019; SCALDAFERRO, 2019).

As espécies cultivadas e silvestres de *Capsicum* também são, convencionalmente, caracterizadas pela cor da corola, formando-se dois grupos: o grupo de flores brancas e o grupo de flores roxas. Dentro do grupo das flores brancas estão: *C. annum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. galapagoense*, espécies intimamente relacionadas. Outra espécie domesticada nesse grupo, *C. baccatum*,

notoriamente distinta do complexo *C. annuum*, porém estreitamente correlacionada com *C. chacoense* e *C. praetermissum* (PICKERSGILL, 1991; MCLEOD; GUTTMAN. ESHBAUGH, 1982). Por sua vez, o grupo de flores roxas integra *C. pubescens*, *C. cardenasii*, *C. eshaughii* e *C. tovarii* (ESHBAUGH; SMITH; NICKRENT, 1983; WALSH; HOOT, 2001).

**Tabela 2.** Espécies e variedades do gênero *Capsicum* distribuídas pelo grau de domesticação e proximidade genética.

<b>Complexo <i>Capsicum annuum</i></b>	<b>Complexo <i>Capsicum baccatum</i></b>	<b>Complexo <i>Capsicum pubescens</i></b>
<i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i> (D)	<i>C. baccatum</i> var. <i>baccatum</i> (SD)	<i>C. pubescens</i> (D)
<i>C. annuum</i> var. <i>glabriusculum</i> (SD)	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i> (D)	<i>C. cardenasii</i> (S)
<i>C. chinense</i> (D)	<i>C. baccatum</i> var. <i>umbilicatum</i> (SD)	
<i>C. frutescens</i> (D)		
<i>C. galapagoense</i> (S)		

Fonte: Eshbaugh (1970); Pickersgill (1971); Onus, Pickersgill (2004); Ibiza et al. (2012). Lista de abreviações: (S) Espécies silvestres; (SD) Espécies semidomesticadas; (D) Espécies domesticadas.

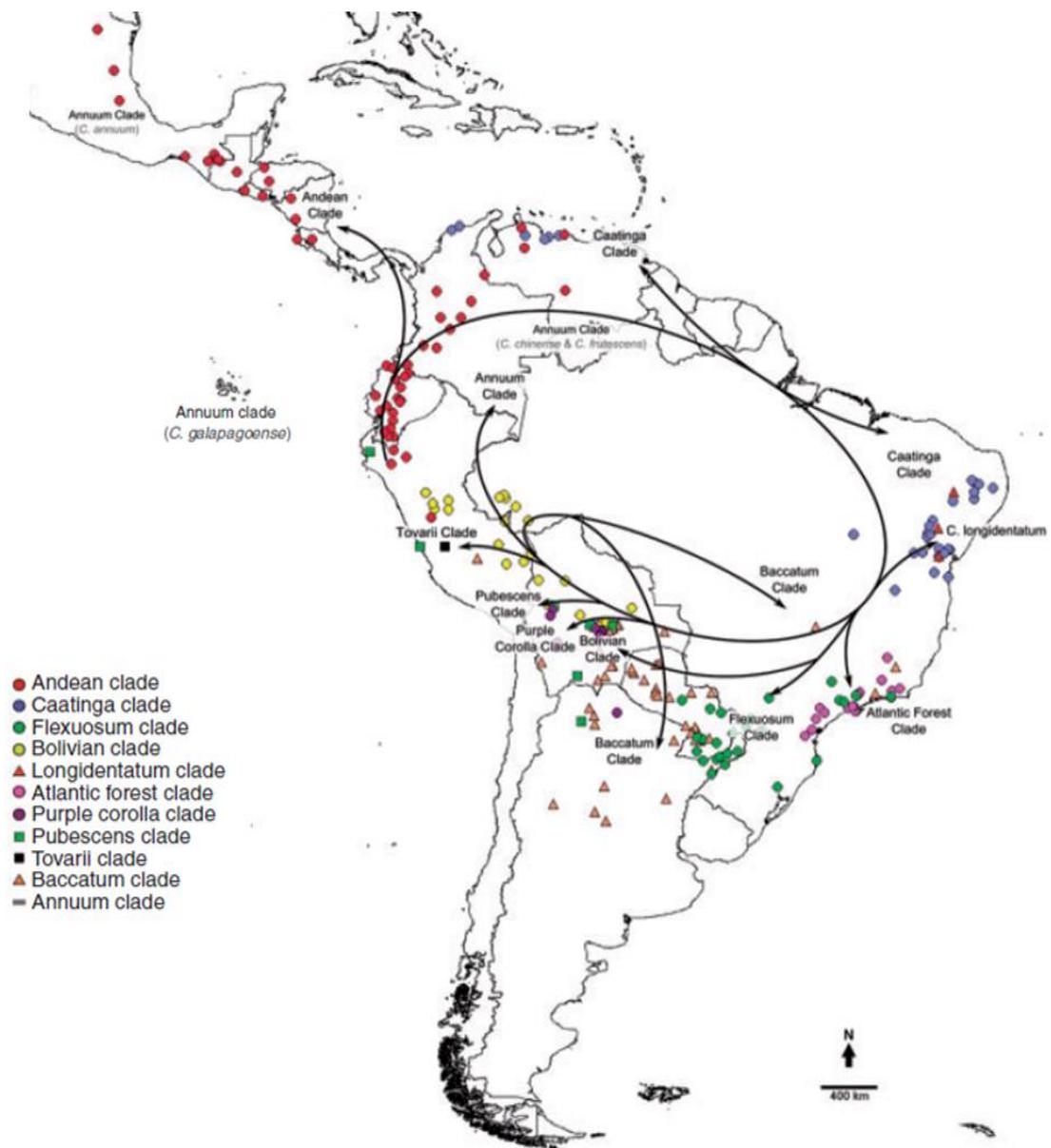
Contudo, esse caráter não deveria ser empregado para distinguir as espécies do gênero, dado que muitas espécies exibem flores de uma cor, como branco (*C. chacoense*), creme (*C. chinense*), amarelo (*C. dimorphum*), ocre (*C. hookerianum*), rosa (*C. friburgense*), lilás (*C. friburgense*), violeta (*C. praetermissum*), enquanto outras possuem diferentes combinações de cores nos lóbulos e tubos, comumente incluindo manchas de várias cores (por exemplo, *C. baccatum*, *C. campylopodium* e *C. cornutum*), o que dificulta a delimitação das espécies (BARBOZA; BIANCHETTI, 2005; BARBOZA et al., 2011).

## 2.2 Centro de origem, diversificação e domesticação de *Capsicum*

O gênero *Capsicum* foi descrito, pela primeira vez, pelo taxonomista-botânico francês Joseph Pitton de Tournefort, em 1700. Porém, atribui-se ao botânico-físico alemão Leonhart-Fuchs a alcunha do termo, em 1542, sendo esse adotado por Carolus Linnaeus em 1753. Supõe-se que o nome seria uma derivação da palavra grega “*capsa*”, em referência ao formato típico do fruto (ANDREWS, 1995). Também se especula que *Capsicum* tenha sua etimologia derivada do grego “*capsicon*”, o

qual foi derivado da raiz latina “*kapetin*”, que significa “morder”, em referência a pungência dos frutos (WEISS, 2002).

América Central e América do Sul são o centro de origem do gênero *Capsicum*, (Figura 2), um dos primeiros grupos de plantas domesticadas no continente americano (PICKERSGILL, 2007; CLEMENT et al., 2010; IBIZA et al., 2012). Inicialmente, sua dispersão era realizada por aves e, posteriormente, também por pessoas por toda a América (BOSLAND; VOTAVA, 2012; NOSS; LEVEY, 2014).



**Figura 2.** Representação esquemática da origem e dispersão das espécies do gênero *Capsicum*. As diferentes cores e formas geométricas representam as áreas de distribuição dos 11 clados. As setas indicam a ocorrência e dispersão de linhagens monofiléticas. Fonte: Carrizo García et al. (2016).

O registro mais antigo do consumo de pimentas é proveniente de escavações arqueológicas no Vale Tehuacán-Cuicatlán, México, e datam em cerca de 8.500 anos (PICKERSGILL, HEISER, 1977), enquanto seu cultivo e domesticação remontam há 6000 anos (PERRY et al., 2007).

Em uma reconstrução filogenética molecular utilizando dois marcadores plastidiais, *Capsicum* e *Lycianthes* foram reagrupados como táxons irmãos, sendo esses considerados os únicos gêneros da tribo Capsiceae (OLMSTEAD et al., 2008). Um recente estudo filogenético estima que a divisão entre os clados *Capsicum* e *Solanum*, e *Capsicum* e *Lycianthes* ocorreu há aproximadamente 19 e 13 milhões de anos, respectivamente. Somado a isso, sugere-se que os ancestrais de *Capsicum* podem ter surgido em uma grande área, no atual território do Peru, Equador e Colômbia (CARRIZO GARCÍA et al., 2016).

A expansão do gênero seguiu um padrão no sentido horário em torno da bacia amazônica, em direção ao Centro e Sudeste do Brasil, depois de volta ao Oeste da América do Sul e, por fim, ao norte para a América Central (Figura 2) (CARRIZO GARCÍA et al., 2016). Também se conjectura que a atual diversidade de *Capsicum* surgiu entre 1-3 milhões de anos, ou seja, no Quaternário, período no qual os principais eventos de especiação podem ter ocorrido (SÄRKINEN et al., 2013).

Diferentes espécies de *Capsicum* foram domesticadas independentemente em diferentes regiões das Américas. De modo geral, as pimentas foram domesticadas em três regiões do Novo Mundo: *C. annuum* e *C. frutescens* na Mesoamérica; *C. baccatum* e *C. pubescens* na Região dos Andes; e *C. chinense* nas Planícies Tropicais da América do Sul (PICKERSGILL, 2007; KRAFT et al., 2014; ZONNEVELD et al., 2015).

*Capsicum annuum* é a espécie mais cultivada no Brasil, possuindo duas variedades botânicas: *C. annuum* var. *annuum* e *C. annuum* var. *glabriusculum*. A primeira variedade inclui plantas que não apresentam pungência, por exemplo, os pimentões e a pimenta-doce (pimenta-verde ou pimenta-americana), e pimenteiras que apresentam diferentes graus de pungência como a pimenta-serrano, *jalapeño*, *big jim*, pimenta-cayenne, pimenta-vermelha e cereja. É considerada a espécie com maior variação na cor, tamanho e formato dos frutos (Figuras C-E) (VOTAVA; BARAL; BOSLAND, 2005; RÊGO et al., 2011a; PESSOA et al., 2018). A segunda variedade (*C. annuum* var. *glabriusculum*) é uma espécie semidomesticada

conhecida popularmente como “pimenta-de-mesa”. Além disso, é utilizada como ornamentação, uma vez que apresenta uma ampla variação no tamanho, cor e formato dos frutos. Alguns exemplares também exibem folhagem variegada e porte anão (MELO et al., 2014; SILVA et al., 2015).

*C. annuum* é uma planta arbustiva, com caule semi-lenhoso, podendo ultrapassar um metro de altura. Apresenta geralmente uma única flor por nó reprodutivo, pedicelo geniculado, cálice com cinco dentes distintos ou sem dentes, corola predominantemente branca (Figura 1A), e com cor esverdeada, púrpura/violeta (Figura 1B), sem manchas amareladas na base dos lobos, anteras azuis ou violetas, dificilmente são amarelas. Seus frutos não apresentam constrição anelar do cálice. Quando maduros, apresentam várias cores e formatos, geralmente pendente e persistente (CARVALHO et al., 2006).

As atuais evidências indicam que a domesticação de *C. annuum* ocorreu há cerca 6.000-6.500 anos em uma ou em duas áreas do México: nordeste e centro-leste (KRAFT et al., 2014), sendo domesticada, provavelmente, a partir da pimenta silvestre ou “*chiltepin*”, [*Capsicum annuum* L. var. *glabriusculum* (Dunal) Heiser and Pickersgill], espécie semidomesticada ou silvestre amplamente distribuída no sudoeste dos Estados Unidos, México, América Central e Colômbia (VOTAVA; NABHAN; BOSLAND, 2002; HÉRNANDEZ-VERDUGO et al., 2012).

A pimenta silvestre (*C. annuum* var. *glabriusculum*) é uma planta arbustiva perene ramificada, apresenta caules finos que frequentemente estende-se em outros arbustos, podendo atingir até dois metros de altura. Seu fruto é pequeno, ereto, vermelho, pungente, decíduo e de casca mole (TEWKSBURY, et al., 1999; GONZÁLEZ-JARA et al., 2011; HAYANO-KANASHIRO, et al., 2015). Essa espécie manifesta uma alta plasticidade fenotípica, exibindo diversidade na morfologia de folhas e frutos, resistência a patógenos, tais como, o *Pepper huasteco yellow vein virus* (PHV), sendo considerado um importante recurso genético no aprimoramento da cultura da pimenta (HERNANDEZ-VERDUGO et al., 2001; GONZÁLEZ-JARA et al., 2011; HERNANDEZ-VERDUGO et al., 2015; LÓPEZ-ESPAÑA et al., 2016).

A domesticação e as subsequentes etapas de seleção artificial conduziram à pimenta silvestre uma extensa variação de tamanho, formato, cor e pungência presentes nos frutos modernos de *C. annuum* (ORTIZ et al., 2010; RIVERA et al., 2016; COLLONA et al., 2019). De modo geral, ao longo dos anos, a seleção foi

guiada objetivando obter linhagens com frutos maiores, menos pungentes, não decíduos, com maior massa e variação morfológica (PARAN; KNAAP, 2007).

*Capsicum baccatum* é uma das principais espécies cultivadas na América do Sul, sobretudo nas planícies e elevações médias da Argentina, Bolívia, Peru, Equador, Paraguai, Colômbia, Chile, e em diferentes regiões do Brasil (ALBRECHT et al., 2012). A sua domesticação ocorreu independentemente, por volta de 4000 anos, por diversos povos nativos que habitavam a Amazônia boliviana e a região dos vales andinos (SCALDAFERRO; BARBOZA; ACOSTA, 2018).

É uma espécie de planta com hábito de crescimento arbustivo, podendo atingir até 3,5 metros de altura. Apresenta pedicelo geniculado, cálice com cinco dentes distintos, corola prevalentemente branca com manchas difusas amareladas ou esverdeadas na base de cada lobo e possui anteras sempre amareladas (Figura 1F). Seus frutos no estágio de maturação exibem várias cores (vermelho, laranja-amarelo, laranja, limão-amarelo,) e formas (alongado, triangular, campanulado, ovalado), geralmente pendentes e persistentes (CARVALHO et al., 2006; CARDOSO et al., 2018).

Essa espécie é dividida em três variedades botânicas: a domesticada *C. baccatum* var. *pendulum*, e as semidomesticadas *C. baccatum* var. *baccatum* e *C. baccatum* var. *umbilicatum* (CARRIZO GÁRCIA et al., 2016). No Brasil, *C. baccatum* var. *pendulum* é representada pelas pimentas dedo-de-moça (chifre-de-veado, pimenta-vermelha ou calabresa), de formato alongado, pela pimenta-cambuci ou chapéu-de-frade (Figura 1H) que, devido à ausência de pungência, é considerada pimenta doce (RÊGO et al., 2011b; LEITE et al., 2016).

*C. baccatum* var. *baccatum* é conhecida popularmente como pimenta cumari (pimenta-de-passarinho). Seus frutos são pequenos, vermelhos (maduros) e com elevada pungência (CASALI; COUTO, 1984; MOREIRA et al., 2006). Essa subespécie distingue-se das outras pela presença de duas manchas esverdeadas nas bases das suas flores (MCLEOD; GUTTMAN; ESHBAUGH, 1982). É cultivada nas regiões sudeste e centro-oeste do Brasil por pequenos agricultores (FERRAZ et al., 2016). Por fim, *C. baccatum* var. *umbilicatum*, cumari-verdadeira (pimenta-de-passarinho), apresenta pungência e variação na coloração dos frutos maduros (HUNZIKER; BARBOZA, 1998).

*Capsicum chinense* é considerada a espécie mais brasileira, em virtude de o seu centro de diversidade ser a bacia amazônica (PICKERSGILL, 1971; FONSECA

et al., 2008; BABA et al., 2015). Além disso, evidências moleculares sustentam a hipótese que ocorreram dois eventos independentes de domesticação nas regiões do Alto Amazonas (Peru, Equador e Bolívia) e Baixo Amazonas (Brasil e Guianas) (MOSES; UMAHARAN; DAYANANDAN, 2014). É uma espécie que possui uma ampla adaptabilidade a diferentes condições edafoclimáticas, sendo comercialmente cultivada de norte a sul do Brasil (LANNES et al., 2007).

Essa espécie apresenta duas ou mais flores por nó reprodutivo, cálice com cinco dentes distintos ou sem dentes, corola totalmente branco-esverdeada a esverdeada, raramente branca com manchas roxas difundidas, anteras azuladas, púrpuras ou amareladas (Figuras K-L). *C. chinense* possui constrição basal entre o cálice e pedicelo (Figura 1M), além de pedicelo não geniculado (Figura 1J), característica peculiar em relação às demais (BARAL; BOSLAND; 2004; CARVALHO et al., 2014). Quanto ao formato, seus frutos são caracterizados como redondos, alongados, triangulares, campanulados. Quanto à superfície, são lisos, semi-rugosos e rugosos. Apresenta pigmentação amarela-leitoso, amarelo-forte, alaranjada, salmão, vermelho e marrom-escuro (CARVALHO et al., 2006; DOMENICO et al., 2012).

*C. chinense* apresentam grande variabilidade em tamanho, forma, cor e pungência dos seus frutos. São conhecidas popularmente pelas “pimentas de cheiro”, que possuem frutos com um aroma forte e característico que as distinguem das demais espécies domesticadas. Outros exemplares destacam-se, como a pimenta-de-bode, biquinho (pimenta-de-bico), murupi, cumari-do-Pará e a *habareno*. A pimenta-biquinho é comumente encontrada no estado de Minas Gerais. Já a pimenta-murupi é a favorita de povos indígenas e não indígenas da região norte do Brasil. Sua preferência destaca-se pelo seu característico aroma e pungência, sendo utilizada como ingrediente em pratos típicos da culinária amazonense, como o pato no tucupi (DOMENICO et al., 2012; RIBEIRO et al., 2018).

O nome *C. sinense* (*C. chinense*) foi cunhado pelo físico holandês Kikolaus von Jacquinomist (Jacquin, 1776), que acreditava que a espécie era oriunda da China. Esta designação ainda é um mistério visto que, na época, já se sabia que as pimentas eram originárias das Américas (BARAL; BOSLAND, 2004). É importante destacar que o “ch” do epíteto específico “*chinense*” tem som de “k”, isto é, “*kinense*” de acordo com a pronúncia latina (LIMA et al., 2013).

Além disso, *C. chinense* é intimamente relacionada com *C. frutescens*, sendo consideradas como pertencentes à mesma espécie. Contudo, o seu reconhecimento era desconhecido até os taxonomistas Smith e Heiser (1957), reanalisarem-na, sugerindo a separação de *C. sinense* de Jacquin de *C. frutescens*, além de renomeá-la como *C. chinense* (BARAL; BOSLAND, 2004).

Uma estreita relação entre *C. chinense* e *C. frutescens* foi documentada e descrita em inúmeros estudos (TOQUICA et al., 2003; INC; KARACA; ONUS, 2010; SANJOG et al., 2012; CARVALHO et al., 2014). Contudo, o conhecimento acerca da história evolutiva de *C. chinense* e *C. frutescens* ainda é incipiente. Alguns autores, como Eshbaugh (1983) sugeriram que *C. frutescens* poderia ser a forma ancestral de *C. chinense*, já outros autores citaram a dificuldade de se encontrar as formas silvestres destas espécies (WASH; HOOT, 2001).

*Capsicum frutescens* têm como principais representantes a malagueta, a mais conhecida e cultivada no Brasil, enquanto que a tabasco é mais popular no México e Estados Unidos das Américas (EUA). Essas variedades são distintas pela cor dos seus frutos durante os estágios de maturação. Os frutos da malagueta são verdes quando imaturos e ficam vermelhos na maturação. A tabasco, por sua vez, possui uma maior variedade de cores, desde verde para o amarelo, alaranjado, vermelho claro e, finalmente, para o vermelho (NAREZ-JIMÉNEZ et al., 2014; CARVALHO et al., 2014; CRUZ-LÁZARO et al., 2017).

Está distribuída geograficamente desde a América Central, Caribe, Antilhas, até a América do Sul, sobretudo na bacia Amazônica. Essa espécie é facilmente confundida com a *C. chinense* em virtude de seu estreito vínculo genético. A presença de constrição anelar do cálice e pedicelo não geniculado em *C. chinense* é a principal característica morfológica que diferencia ambas as espécies (HEISER; SMITH, 1953; NAREZ-JIMÉNEZ et al., 2014; CARVALHO et al., 2014).

As plantas dessa espécie são tipicamente eretas, de 1,5-2,0 m de altura, com duas ou mais flores por nó reprodutivo, com corola verde ou branco-esverdeada, raramente branca (Figura 1N) ou com manchas difusas roxas. Não apresenta uma constrição no cálice, frutos geralmente pequenos, vermelhos (raramente alaranjados ou amarelados), cônicos, verticais, de polpa macia e decídua (Figura 1O). Existem variações na posição, morfologia, tamanho, cor e pungência de seus frutos, sendo essas variedades classificadas como domesticadas (JARRET et al., 2007; RÊGO; FINGER; RÊGO, 2012).

Baral e Bosland (2004) relataram morfotipos peculiares provenientes da Costa Rica e Guatemala. Esses acessos apresentavam frutos grandes e não decíduos. Isso sugere que a pimenta malagueta e tabasco não são as únicas variedades domesticadas. Contudo, *C. frutescens* é considerada a espécie com menor variabilidade morfológica em relação às demais domesticadas (DEWITT; BOSLAND, 2009).

*C. pubescens* é a única espécie domesticada que não é encontrada no Brasil. Foi descrita pelos botânicos Ruiz e Pavon (1790), a partir de exemplares cultivados no Peru. Estima-se que foi domesticada há 6000 anos nos planaltos da Bolívia sendo, assim, considerada uma das espécies domesticadas mais antigas das Américas. Na região dos Andes é conhecida como “*locoto*”, na língua Quechuan, ou “*rocoto*”, em espanhol. Outro nome popular é canário, em referência à cor amarela dos frutos. Na Guatemala, é denominada de “*caballo*”, devido à sua pungência “chutar com um cavalo” ou “*siete caldos*”, porque é quente o suficiente para temperar sete sopas (DEWITT; BOSLAND, 2009).

Ocorre naturalmente em jardins e hortas desde o México até o Peru. *C.* É uma espécie adaptada a terras altas, de baixas temperaturas (4° C à 15°C), livre de congelamento e com um período longo de crescimento maior que 120 dias. Esses fatores, provavelmente, são os responsáveis pelas frustradas tentativas de cultivar essa espécie em regiões de clima Mediterrâneo (RODRÍGUEZ-BURRUEZO et al., 2009). A pubescência é evidente por toda a planta e as sementes enrugadas castanho-marrons ou pretas (Figura 1Q) são as principais peculiaridades que ajudam a distinguir essas pimentas das outras espécies de *Capsicum*. Ao contrário das espécies domesticadas, *C. pubescens* tem flores roxas com nectários evidentes. Contudo, esporádicos exemplares com flores brancas foram relatados na Indonésia (IBIZA et al., 2012; YAMANAMOTO; DJARWANINGSIH; WIRIADINATA, 2013).

Os frutos apresentam variação na morfologia e pigmentação. São verdes quando imaturos, transitando para o amarelo, laranja e vermelho quando amadurecidos. As variedades “*manzano*” e “*peron*” (referência ao formato de maçã e pêra) são vermelhas e amarelas, respectivamente. A variação “*canário*” é arredondada e amarela. Frutos de menor tamanho são encontrados na Bolívia, sugerindo que os genótipos bolivianos são os mais próximos do *pool* genético ancestral de *C. pubescens* (BOSLAND; VOTAVA, 2012). Seus frutos contêm um conjunto único de capsaicinoides que lhes conferem uma das pungências mais

acentuadas de todas as pimentas. Além disso, a diversidade desses compostos alcaloides é maior em *Capsicum* (BENNETT; KIRBY, 1968; COLLINS; WASMUND, BOSLAND, 1995; ZEWDIE; BOSLAND, 2001; DEWITT; BOSLAND, 2009).

### 2.3 Importância Socioeconômica das pimentas

A ampla variabilidade genética presente em *Capsicum* permite que as pimentas sejam cultivadas em uma gama de condições edafoclimáticas (PICKERSGILL, 1997; LANE et al., 2007; PEREIRA-DIAS et al., 2019). Este fato é refletido no número de países que produzem esse condimento. Pimentas frescas e secas são cultivadas, respectivamente, em 126 e 70 países. A China e o México são os maiores produtores de massa fresca, produzindo cerca de 18 e 3,5 milhões de toneladas anualmente, respectivamente. Já a Índia lidera a produção de massa seca com 2 milhões de toneladas, seguida da Tailândia, em torno de 350 mil toneladas. Desde 1991, o valor econômico das pimentas vem ganhando destaque no mercado internacional, tornando-se, assim, uma boa fonte de renda para os produtores de diversos países. Calcula-se que, em 2016, a produção de pimentas movimentou o valor de 33,8 bilhões de dólares (FAO, 2017).

As pimentas podem assumir diferentes usos e significados em cada cultura. Exemplares silvestres de *C. annuum* var. *glabriusculum* (*chiltepin*) são considerados um importante componente da identidade e cultura do México. É tradição dos povos indígenas Papago e Pima, tribos provenientes das regiões desérticas de Sonora (EUA) e México, fazerem peregrinações anuais para colher *chiltepins*. Durante a década de 1980, a colheita de pimentas silvestres se tornou uma valorosa fonte de renda para os habitantes rurais das regiões norte e centro do México. Essa prática tem tradicionalmente mobilizado mulheres, criança e idosos aumentando, significativamente o rendimento familiar (BÑUELOS; SALIDO; GARDEA, 2008, GONZÁLEZ-JARA et al., 2011).

Tribos indígenas da Amazônia brasileira também possuem uma intrínseca relação com pimentas *Capsicum*. São abundantes os registros entre as diversas etnias indígenas. Muitos povos indígenas possuem o costume de mastigar pimentas antes de suas caçadas, acreditando que essa prática torna-os “bons caçadores” e “atiradores de zarabatanas” (BOSLAND; VOTAVA, 2000).

Na Amazônia, há também a tradição do uso de pimentas com fins profiláticos e terapêuticos. Roman et al. (2011) relataram o uso da pimenta malagueta (*C.*

*frutescens*) na cura de enfermidades tais como, “pano-branco”, “impinge”, reumatismo, “dor de dente” em uma comunidade do rio Amazonas, Santarém e Pará. Já quilombolas do estado do Amapá indicam a malagueta e a pimenta-de-cheiro (*C. chinense*) para amenizar cólicas menstruais e de crianças (PEREIRA et al., 2007).

As pimentas no norte Brasil são vendidas *in natura* (imaturas, maduras, desidratadas), ou empregadas no preparo de produtos artesanais como, por exemplo, a jiquitaia (pimenta desidratada e moída), o arubé (cozido de mandioca e pimentas), o cumaxi (pasta cozida), o damorida (caldo de folhas e frutos de pimentas), molhos, doces, licores e geleias (NASCIMENTO FILHO; BARBOSA; LUZ, 2007; BARBOSA; JÚNIOR; LUZ, 2010).

No Brasil, o pimentão é o protagonista no mercado de pimentas, sendo uma hortaliça lucrativa, e que tem agregado valor socioeconômico ao proporcionar um grande emprego de profissionais qualificados. A atividade econômica de pimentas tem gerado capital, bens e serviços ao promover a instalação de indústrias de processamento, assim como a contratação temporária de trabalhadores durante o período de colheita. As regiões Sudeste e Centro-Oeste destacam-se na produção brasileira de pimentas e maiores produtores são os estados de Minas Gerais, Goiás, São Paulo, Ceará e Rio Grande do Sul (PINTO et al., 2016).

O mercado para pimentas *in natura* é fortemente influenciado pela cultura e tradição culinária de cada região brasileira. Na região Norte, as pimentas mais apreciadas são as pimenta-de-cheiro, murupi, cumari-do-Pará, todas pertencentes a espécie *C. chinense*. No Nordeste, a pimenta-de-cheiro e a malagueta (*C. frutescens*) ganham destaque na gastronomia. No Centro-oeste, é apreciada a pimenta-de-bode, pimenta-de-cheiro, cumari-do-Pará, dedo-de-moça e malagueta. Na região sudeste, a pimenta cambuci, malagueta, cumari-vermelha e a pimenta-doce do tipo americana perfazem a culinária dessa região. Por fim, na região Sul, o consumo de pimentas *in natura* é inexpressivo, existindo uma preferência por produtos processados como, por exemplo, conservas, molhos e pimentas desidratadas (COSTA et al., 2007).

O papel econômico das pimentas ornamentais vem aumentando significativamente em todo o mundo. As pimentas ornamentais possuem aspectos estéticos que as destacam, tais como folhagem variegada, frutos coloridos que contrastam com as folhas verdes, pequeno porte, além de fácil propagação por

sementes, simples manuseio, tempo curto de colheita, alta produtividade, longevidade, e tolerância a stress abiótico (calor, seca) (SEGATTO et al., 2013; ARAÚJO et al., 2019).

Essas plantas possuem boa aceitação pelo mercado consumidor, sendo populares em muitos países, com destaque na União Europeia e Estados Unidos das Américas. Contudo, no Brasil, o comércio ainda é restrito a alguns supermercados e mercearias de pequeno porte. Esse cenário vem, portanto, sofrendo modificações (RÊGO; RÊGO; FINGER, 2015, RÊGO et al., 2015).

O cultivo de pimentas ornamentais tem se tornado uma importante fonte de renda para agregados agrícolas. A agricultura familiar brasileira é responsável por disseminar o cultivo de pimentas nos diversos estados. Atualmente, o agronegócio de pimentas é um exemplo de modelos de integração entre pequeno-médios produtores e sistemas agroindustriais. Essa relação tem gerado empregos em todas as cadeias de produção, assim como aumenta a renda dos municípios produtores dessa hortaliça (STUMMEL; BOSLAND, 2006; PINTO; MARTINS, 2011; BARBIERI; NEITZKE; UENO, 2011).

#### **2.4 Composição química e propriedades terapêuticas de *Capsicum***

As espécies de *Capsicum* são ricas em compostos como capsaicínides, carotenóides, flavonóides, óleos, vitaminas, entre outros fitoquímicos que fornecem suas propriedades organolépticas singulares e benefícios à saúde humana (KOFFI-NEVRY et al., 2012; GURNANI et al., 2016; OLATUNJI; AFOLAYAN, 2019; MORENO-RAMÍREZ et al., 2019; FRIEDMAN et al., 2019).

As pimentas são as únicas que produzem a capsaicina, um composto alcaloide responsável pelo seu ardor e sabor peculiar (CATERINA et al., 1997; STEWART et al., 2007). Há séculos, as propriedades terapêuticas da capsaicina são conhecidas. Recentemente, alguns estudos têm demonstrado suas propriedades analgésicas (BORBIRO; BADHEKA; ROHACS, 2015), anti-inflamatórias (TOYODA et al., 2015) e antioxidantes (GALANO; MARTÍNEZ, 2012). Existem também evidências que a capsaicina tem efeitos promissores sobre a redução do apetite (JANSSENS; HURSEL; WESTERTEP-PLANTENGA, 2014), perda de peso (VARGHESE et al., 2016) e controle de diabetes *mellitus* gestacional (YUAN et al., 2015).

*Capsicum* é uma das fontes vegetais mais ricas em carotenoides, como  $\beta$ -caroteno,  $\alpha$ -caroteno,  $\beta$ -criptoxantina, compostos com função antioxidantes e precursores de vitamina A (RAO; RAO, 2007; WAHYUNI et al., 2011; HASSAN et al., 2019). Os flavonoides são um grupo de compostos secundários responsáveis pelas cores vermelhas, roxas e azuis em flores e frutos, sendo a antocianina o principal representante pelos pigmentos vermelhos, roxos e azuis. Flavonoides são conhecidos pelos seus efeitos antioxidantes, antialérgicos e anti-inflamatórios (GRASSI; DESIDERI; FERRI, 2010; MARÍN et al., 2004; SARPRAS et al., 2019).

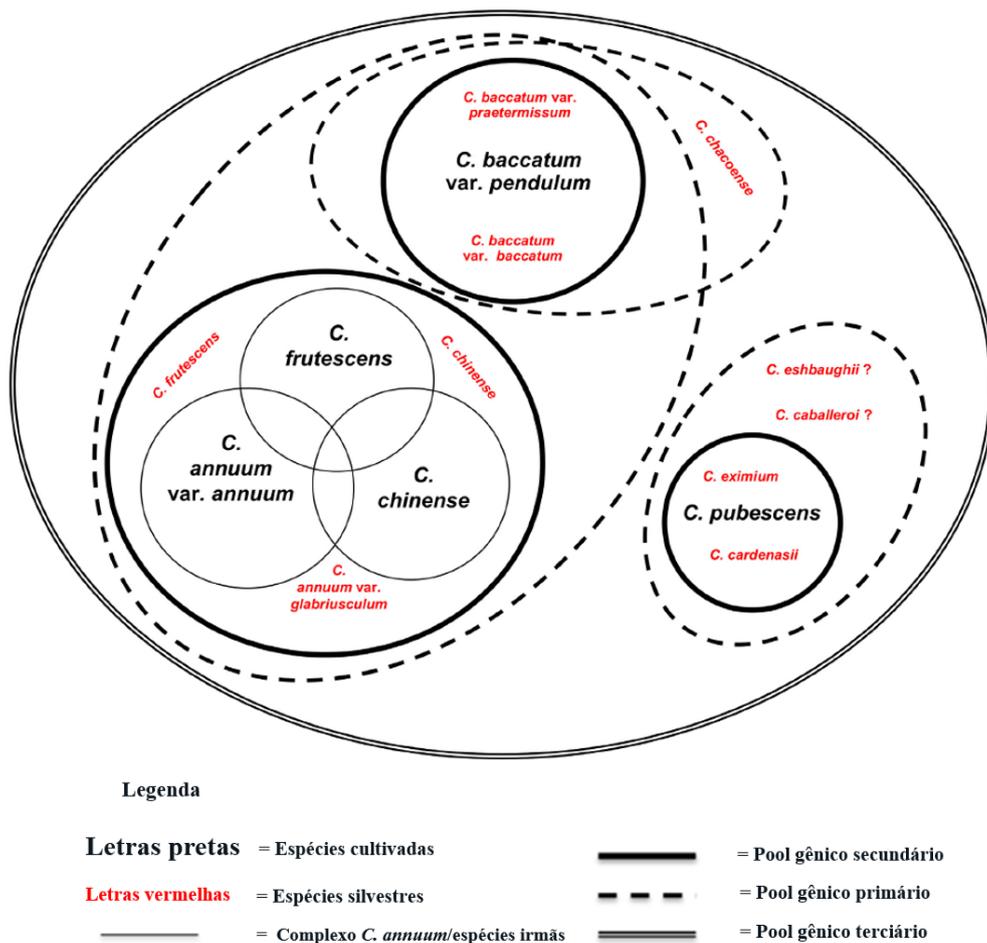
Os frutos de pimentas são abundantes em vitaminas A, C e E, com reconhecidos benefícios à saúde humana. A vitamina A (retinol) é essencial para gestantes e para o desenvolvimento normal de seus fetos. Além disso, o retinol é fundamental na diferenciação da córnea, da membrana conjuntiva, da retina, assim como na integridade das células dos epitélios (MAIA et al., 2019; POLCZ; BARBUL, 2019; CABEZUELO et al., 2020).

A vitamina E possui efeito inibitório na produção de espécies reativas de oxigênio durante o metabolismo de gorduras (HADI; VETTOR; ROSSATO, 2018; ZINGG; MEYDANI, 2019). O ácido ascórbico (vitamina C) é um importante cofator enzimático e antioxidante, participando do bom funcionamento do sistema nervoso e imunitário, assim como colabora nos processos metabólicos responsáveis pela síntese de colágeno, aminoácidos e alguns hormônios peptídicos (CARR; MAGGINI, 2007; PADAYATTY et al., 2007; HARRISON; MAY, 2009; STRAATEN; MAN; WAARD, 2014; RECKELHOFF; ROMERO; CARDOZO, 2019).

## **2.5 Conservação de recursos genéticos e bancos de germoplasma de pimentas**

Recurso genético é aplicado a todo material biológico de origem vegetal, animal, microbiana, ou qualquer forma de vida que apresente atual ou potencial valor socioeconômico, contendo unidades hereditárias autorreplicativas (COSTA; SPHAR, 2012; KATE; LAIRD, 2019). Os recursos genéticos de *Capsicum* já foram utilizados, com sucesso, em programas de melhoramento no desenvolvimento de cultivares com características agronômicas e nutricionais desejadas no mercado (DENG et al., 2009; RIBEIRO et al., 2015; RIBEIRO et al., 2018; OLGUÍN-ROJAS et al., 2019).

O *pool* gênico de *Capsicum* é vasto em comparação a outras culturas. De fato, as espécies domesticadas, semidomesticadas e silvestres formam três complexos gênicos (*annuum*, *baccatum* e *pubescens*) baseados na sua morfologia, citogenética, proximidade genética e no potencial reprodutivo. Esses complexos são as bases para os *pools* genéticos primários, secundários e terciários, importantes para os melhoristas de plantas (Figura 3) (ZIJLSTRA; PURIMAHUA; LINDHOUT, 1991; PICKERSGILL, 1991; WALSH, HOOT, 2001).



**Figura 3.** Representação esquemática dos três pools gênicos de *Capsicum*. Adaptado de Zonneveld et al. (2015).

No *pool* gênico primário (GP1), incluem-se membros pertencentes à mesma espécie ou espécies intimamente relacionadas, que podem hibridizar, gerando indivíduos férteis e com vigor híbrido. O *pool* gênico secundário (GP2) abrange espécies domesticadas e silvestres do mesmo complexo. O cruzamento interespecífico é possível, porém é mais difícil usando técnicas convencionais de melhoramento. Além disso, os descendentes são frequentemente inférteis e com

baixo vigor. O *pool* gênico terciário (GP3) integra espécies que podem se intercruzar, porém só é possível por meio de técnicas sofisticadas, tais como resgate de embriões e fusão de protoplastos. Por fim, o *pool* gênico quaternário (GP4) engloba espécies cuja introgressão gênica só é possível por meio de técnicas de transgenia (HARLAN; DE WET, 1971; MAXTED et al., 2006).

Os três *pools* gênicos têm baixa capacidade de hibridação entre eles. Contudo, existem relatos de cruzamentos bem-sucedidos entre indivíduos dos complexos *C. annuum* e *C. baccatum* (EGGINK et al., 2014; MANUZUR et al., 2015; MARTINS et al., 2015; CREMONA et al., 2018; WEI et al., 2019). Nesse contexto, ressalta-se a importância da compatibilidade reprodutiva entre as espécies, anterior a qualquer etapa de melhoramento genético. Cada espécie possui genótipos domesticados, semidomesticados e silvestres do seu *pool* gênico primário que são capazes de cruzar e produzir híbridos férteis (MONGKOLPORN; TAYLOR, 2011).

Ao contrário do tomate (*Solanum lycopersicum* L.), o uso de híbridos interespecíficos em pimentas ainda é limitado e incipiente, sobretudo para espécies silvestres de *Capsicum*. Dentre os fatores, destaca-se provavelmente a ausência detalhada de dados morfoagronômicos para as espécies do gênero, com a exceção de *C. annuum*. Outra possível causa é a falta de obtenção de germoplasma pelos programas modernos de melhoramento. Contudo, existem diversos bancos de germoplasma públicos que mantêm em seu acervo material silvestre e doméstico de pimentas (BARCHENGER; NARESH; KUMAR, 2019).

A Bolívia e o Peru constituem o principal centro de origem e diversidade de espécies silvestres e domesticadas de *Capsicum*, com destaque para *C. baccatum* e *C. pubescens*. Além disso, a Bolívia é considerada um *hotspot* de pimentas silvestres das Américas, sendo utilizadas para fins alimentícios e medicinais (MOSCONE et al., 2007; ZONNEVELD et al., 2015). As pimentas silvestres da Bolívia merecem uma considerável atenção em virtude do seu grande *pool* genético. Esses recursos genéticos podem ser, eventualmente, domesticados ou utilizados como fonte de germoplasma para criação de novas cultivares com valor de mercado (NEE; BOHS; KNAPP, 2006; BARBOZA, 2011; BARBOZA et al., 2019).

O México é considerado o centro primário de diversidade de *C. annuum*, sendo a Espanha o seu centro secundário (GONZÁLEZ-PERES et al., 2014; PEREIRA-DIAS et al., 2019), sendo introduzida na Europa como condimento

alternativo, a pimenta-do-reino (*Piper nigrum* L.), espalhando-se rapidamente pela Europa, África e Ásia (ANDREWS, 1995).

*C. frutescens* e *C. chinense* possuem o centro primário de diversidade na bacia Amazônica e centro secundário na África e Ásia (DAGNOKO et al., 2013; BABA et al., 2015). Ambas as espécies fazem parte da rica cultura e biodiversidade brasileira, sendo cultivadas principalmente por pequenos produtores rurais (BARBOSA et al., 2002; RÊGO; FINGER; RÊGO, 2012; CARVALHO et al., 2014).

O Brasil é o país com maior concentração de espécies de *Capsicum* (18 representantes do gênero), em particular, a região costeira do Sudeste (Espírito Santo até o Rio Grande Sul), a exemplo, *C. pereirae*, *C. friburgense*, *C. hunzikerianum*, espécies endêmicas da Mata Atlântica (BARBOZA; BIANCHETTI, 2005). O bioma Caatinga é outro ecossistema brasileiro com representantes únicos do gênero, *C. caatingae* e *C. parvifolium*. Entretanto, ações antrópicas ao longo dos anos vêm causando um processo de desequilíbrios ecológicos, além da deterioração dos recursos genéticos, com consequências incalculáveis para biodiversidade e a sociedade humana (ALVES; ARAÚJO; NASCIMENTO, 2009; SILVA et al., 2019a; SCHULZ et al., 2019; MACDONALD; MORDECAI, 2019; VIBRANS et al., 2020).

A crescente população humana junto aos efeitos negativos das mudanças climáticas têm gerado complexos desafios de segurança alimentar. O aumento de secas, altas temperaturas, enchentes, geadas, salinidade do solo, desertificação, surgimento e intensificação de pragas e doenças requer dos melhoristas o desenvolvimento de novos cultivares com maior resiliência às adversidades citadas (CASTAÑEDA-ÁLVAREZ et al., 2016; PROHENS et al., 2017; BAILEY-SERRES et al., 2019). Contudo, este fato baseia-se que essa diversidade estará prontamente acessível para os programas de pesquisa e melhoramento vegetal. Sendo assim, faz-se necessário o desenvolvimento de estratégias de conservação dos recursos genéticos para uso futuro (ESQUINAS-ALCÁZAR, 2005; MCCOUCH et al., 2013; MASCHER et al., 2019).

A conservação de recursos genéticos tem sido amplamente abordada através de duas formas complementares: a conservação *in situ* e *ex situ*. A conservação *in situ* refere-se às espécies silvestres no seu hábitat natural. Uma das grandes vantagens dessa estratégia em relação à *ex situ* é permitir que a espécie mantenha suas relações ecológicas e processos evolutivos que podem acompanhar e se adaptar às mudanças ambientais (RAJORA; MOSSELER, 2001; POTTER et al.,

2017). Contudo, poucos esforços foram realizados nas últimas décadas para proteger os locais naturais onde às espécies silvestres estão inseridas. Ainda faltam muitas informações sobre o estado de conservação para grande parte das espécies de *Capsicum*. De acordo com a Lista Vermelha de Espécies Ameaçadas de Extinção da *International Union for Conservation of Nature* (IUCN, 2019), existem apenas dados de conservação para cinco (*C. caatingae*, *C. rhomboideum*, *C. annuum*, *C. frutescens* e *C. lanceolatum*) representantes do gênero.

As espécies *C. caatingae* (BGCI; IUCN, 2019), *C. rhomboideum* (AZURDIA et al., 2017a), *C. annuum* (AGUILAR-MELÉNDEZ et al., 2019) e *C. frutescens* (AZURDIA et al., 2017b) possuem população estável, sendo a última com população em declínio. Entretanto, potencial ameaça de extinção foi alertada para *C. lanceolatum*, ao apresentar estado em perigo com população em declínio (AZURDIA et al., 2017c). Essa espécie silvestre ocorre desde o México, Honduras, predominando nas florestas nubladas da Guatemala. Desse modo, poder ser uma fonte de germoplasma para resistência a fungos, bactérias, outros patógenos de ambientes úmidos e tolerância de crescimento a condições de umidade e baixa luminosidade (BOSLAND; GONZALEZ, 2000).

Em um estudo realizado por González-Jara et al. (2011), com o objetivo de analisar os efeitos da pré-domesticação em pimentas silvestres (*C. annuum* var. *glabriusculum*) do México, concluiu que o manejo humano está conduzindo a uma perda significativa da diversidade e diferenciação genética. Além disso, foi verificado um recente declínio demográfico das populações naturais. Esse fato é multifatorial, podendo ser atribuído a efeitos heterogêneos da fragmentação ambiental causados por flutuações climáticas durante o período glacial ou interglacial, assim como causas antropogênicas após o assentamento de povos na América. Sendo assim, foi detectado o decaimento de uma determinada população na península de Yucatán, o qual coincidiu com o início do desenvolvimento da civilização Maia.

Do ponto de vista teórico, o modelo de conservação *in situ* é considerado o mais eficiente. Contudo, essa estratégia é passível de muitos problemas de origem econômica, social ou política (KEMP et al., 1976; POTTER et al., 2017). Nesse contexto, surge um método complementar de conservação *ex situ*, que aborda a manutenção de unidades biológicas da biodiversidade vegetal, animal, microbiana, em ambientes fora da sua ocorrência natural. Essa conservação pode ser empregada a curto, médio e longo prazo, a depender das características biológicas

da espécie (BALLESTEROS; PENCE, 2019; CHAU et al., 2019; MASCHER et al., 2019).

A conservação *ex situ* dever ser realizada em ambientes específicos que preservem as propriedades proliferativas e genéticas do material armazenado, sendo classificado como banco de germoplasma. Os bancos de germoplasma constituem-se de unidades físicas destinadas a manter coleções de acessos de espécies ou gêneros provenientes de diferentes localidades geográficas, com o intuito de conservar a variabilidade genética e de utilizá-la com matéria para programas de conservação e melhoramento genético. Além disso, destacam-se as atividades de intercâmbio, coleta, registro, documentação, multiplicação, caracterização e regeneração das amostras (CASTAÑEDA-ÁLVAREZ et al., 2016; MIGICOVSKY et al., 2019).

Existem diversas coleções de germoplasma de *Capsicum* a níveis nacionais e internacionais. As duas maiores estão localizadas no World Vegetable Center (WorldVeg) localizada em Shanhua (Taiwan) e em United States Department of Agriculture (USDA) localizado em Griffin, no estado Georgia (EUA) com, respectivamente, 9209 e 4877 de acessos provenientes de vários continentes. Outros bancos de germoplasma destacam-se, como o Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE), em Turrialba (Costa Rica), o Chile Pepper Institute, localizado na Universidade do Novo México (México), o qual contém uma vasta coleção de acessos silvestres e domesticados. Além disso, os bancos de germoplasma da Alemanha, Holanda, França, Índia, Coréia do Sul, Japão e China são detentores de coleções significativas de *Capsicum* (BARCHENGER; NARESH; KUMAR, 2019).

O Brasil, por sua vez, também possui instituições e organizações com acervos de germoplasma de *Capsicum*, com destaque para o Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Hortaliças (Brasília-DF), com mais de 4 mil acessos, com híbridos, linhagens, cultivares de polinização aberta, materiais domesticados e silvestres (COSTA; SPEHAR, 2012). Além de o Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* (BAGC) do CPACT (Centro de Pesquisa Agropecuária de Clima Temperado), Pelota-RS, o Banco Ativo de Germoplasma de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Amazônia Oriental, Belém-PA, Banco Ativo de Germoplasma de Hortaliças do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia (INPA) e o Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Estadual do Norte

Fluminense (UENF) (SUDRÉ et al., 2005; NEITZKE et al., 2010; BATISTA; FILHO, 2014; CARVALHO et al., 2014; SILVA et al., 2017a). Por fim, a Universidade Federal do Amazonas (UFAM), a Universidade do Estado de Mato Grosso do Sul (UEMS), a Universidade Federal da Paraíba (UFPB), Universidade Federal do Maranhão e a Universidade Federal do Piauí (UFPI) também são fundações conservadoras de germoplasma de pimentas (COSTA et al., 2017; CRISPIM et al., 2017; SILVA et al., 2017b; SOARES; BENTES; GASPAROTTO, 2017).

## 2.6 Diversidade genética por meio de marcadores morfológicos

As atividades de melhoramento genético tem gerado a perda de variabilidade genética, comumente denominada de erosão genética, sobretudo o desaparecimento de variedades crioulas com alelos raros (FU; SOMERS, 2009; GROSS; OLSEN, 2010; TANG; SEZEN; PATERSON, 2010; FRANKIN et al., 2019).

Uma forma alternativa para contornar esse problema é a conservação de recursos genéticos em bancos de germoplasma. Durante as últimas décadas, foram feitos avanços significativos na coleção de amostras de diversas espécies vegetais. Contudo, pouco se sabe sobre a estrutura genética e a diversidade intra e interespecífica do gênero *Capsicum* (GUZMÁN et al., 2005; INCE; KARACA; ONUS, 2009). Nesse contexto, o conhecimento acerca da diversidade genética de uma coleção de germoplasma é essencial para sua exploração em programas de melhoramento genético (GELETA; LABUSCHAGNE; VILJOEN, 2005; RÉGO et al., 2009).

Com base na diversidade genética em *Capsicum*, a *International Plant Genetic Resources Institute* (IPGRI, 1995) desenvolveu uma lista padronizada de 50 descritores, os quais têm auxiliado nos estudos na caracterização morfológica. Os descritores são características mensuráveis ou subjetivas de um indivíduo, como altura da planta, cor da corola, formato do fruto etc. Esses possuem alta herdabilidade, são expressos em todos os ambientes, com pouca interação genótipo e ambiente, e de fácil identificação e diferenciação (COSTA; SPEHAR, 2012).

Resistência a pragas e a doenças, tolerância a estresses abióticos, ornamentação, arquitetura, precocidade, alta produtividade, uniformidade, fácil manejo de colheita, assim como tamanho, peso, formato, cor, aroma, sabor, grau de pungência dos frutos são os principais objetivos nos programas de pesquisa e melhoramento genético de *Capsicum* (DENG et al., 2009; SINGH et al., 2014;

RIBEIRO et al., 2018). Informações sobre esses aspectos são importantes na orientação da escolha de progenitores divergentes, métodos de seleção e condução de populações segregantes (CRUZ; REGAZZI, 2001; SYUKUR et al., 2010).

A divergência genética pode ser definida como a distância genética entre indivíduos, organismos e populações, avaliados sistematicamente por meio de caracteres morfológicos, fisiológicos, comportamentais, bioquímicos, moleculares, citogenéticos, dentre outros (AMARAL JÚNIOR, 1994; ALTROCK; FÔNSECA; PEDROSA-HARAND, 2011; AGUILAR-MELÉNDEZ et al., 2009; ADHIKARI et al., 2017; COLLONA et al., 2019; RIBEIRO et al., 2019; WEI et al., 2019; GUZMÁN et al., 2019; BIANCHI et al., 2020).

Diversos métodos têm sido aplicados na exploração da divergência genética, como descritores morfológicos, moleculares, citogenéticos em espécies de pimentas e pimentões (BENTO et al., 2007; NEITZKE et al., 2010; ROMERO-DA-CRUZ et al., 2015). Em *Capsicum*, diversos estudos foram realizados utilizando a caracterização morfológica (MONTEIRO et al., 2010; ORTIZ et al., 2010; DIAS et al., 2013; MELO et al., 2014; PESSOA et al., 2018; SOARES et al., 2019).

O uso de descritores multicategóricos em estudos de divergência genética possuem diversas vantagens, como várias classes para cada caráter avaliado, sua coleta é rápida, prática e econômica, sendo uma alternativa para caracterização de germoplasma em programas de pesquisa que carecem de subsídios financeiro e profissional. Contudo, apesar de sua importância, indica-se obter o maior número de dados possíveis sobre cada coleção de banco de germoplasma, permitindo uma melhor eficiência dos trabalhos de melhoramento vegetal (GELETA; LABUSCHAGNE; VILJOEN, 2005; SUDRÉ et al., 2006).

Nesse contexto, o uso de técnicas multivariadas para quantificar a dissimilaridade genética tem sido amplamente empregado em diversas culturas, tais como, feijão-comum (CABRAL et al., 2011; RIVERA et al., 2018), feijão-fava (SILVA et al., 2017c; SILVA et al., 2019b) milho (ALMEIDA SILVA; VIDAL; OGLIARI, 2016; ELGUETA et al., 2019), trigo (GORDON et al., 2018), arroz (PINTO; OGLIARI; MAGHELLY, 2019), centeio (HAGENBLAD et al., 2016; SCHREIBER et al., 2019).

Diversos trabalhos utilizaram análises multivariadas na estimação da diversidade genética em solanáceas (MONTEIRO et al., 2010; ALVARES; REIS; PINTO, 2012; ROCHA et al., 2009; FIGÀS et al., 2015).

Bento et al. (2007), estudando a diversidade genética e fenotípica em 29 acessos de pimentas por meio de 37 descritores morfoagronômicos, observaram diversidade fenotípica entre os acessos estudados, com potencial uso para programas de melhoramento vegetal. Ademais, os autores destacaram que a análise de variáveis multicategóricas eficaz no agrupamento dos genótipos estudados, indicando-a em trabalhos de quantificação de dissimilaridade genética e na identificação de grupos heteróticos auxiliando, desse modo, o manejo e a utilização dos recursos genéticos em bancos de germoplasma.

Rocha et al. (2009) analisaram e caracterizaram 40 genótipos de tomateiro (*Solanum lycopersicum*) do grupo “cereja” com base em descritores quantitativos referentes aos frutos. O uso das técnicas multivariadas permitiu aferir a existência de variabilidade genética significativa entre os acessos para as características quantitativas analisadas, além de permitirem a identificação das variedades para potencial uso em sistemas agrícolas orgânicos.

Gomes et al. (2019) avaliaram diferentes técnicas de agrupamento para caracterização e avaliação de acessos de pimentas *Capsicum* utilizando diferentes combinações de medidas específicas para variáveis quantitativas e qualitativas. Foram caracterizados 56 acessos de *Capsicum* por meio de 25 descritores morfoagronômicos. Os autores concluíram que a maioria das distâncias utilizadas combinadas com o agrupamento UPGMA foram eficientes na separação das amostras em relação às espécies utilizando, respectivamente, dados quantitativos e qualitativos.

## **2.7 Caracterização citogenética de pimentas *Capsicum***

As primeiras descrições cariológicas de *Capsicum* datam de 1920. O citogeneticista Kostow (1926) relatou, equivocadamente, o número básico  $n = 6$  para quatro variedades botânicas de *C. annum*. Contudo, Margadant (1926) descreveu corretamente como  $n = 12$  para uma variedade não declarada do gênero (HUSKINS; LA-COUR, 1930).

O gênero *Capsicum* tem a presença universal de dois números básicos cromossômicos,  $2n = 2x = 24$  e  $2n = 2x = 26$ , sendo o último presente apenas nas espécies silvestres. Até o presente momento, o número diploide para 73% das espécies de *Capsicum* (30/41) foram registrados, sendo 15 espécies com  $2n = 2x =$

24, enquanto 15 espécies apresentam  $2n=2x=26$  (EMBODEN, 1961; LIPPERT; SMITH; BERCH, 1966; LIMAYE; PATIL; 1989; MOSCONE, 1990; MOSCONE et al., 1993; 1995; 1996; POZZOBON; SCHIFINO-WITTMANN; BIANCHETTI; 2006; BARBOZA et al., 2019).

O número cromossômico para 11 espécies de *Capsicum* ainda não foi reportado: todas as espécies do Clado Boliviano (*C. caballeroi*, *C. ceratocalyx*, *C. coccineum*, *C. minutiflorum* e *C. nee*); *C. eshbaughii* (Clado da Corola Roxa); *C. dimorphum*, *C. hookerianum* (Clado Andino), *C. hunzikerianum* e *C. carassense* (Clado Mata Atlântica) e *C. benoistii* (Sem Clado definido) (MOSCONE et al., 1995; BARBOZA; BIANCHETTI, 2005; SCALDAFERRO; MOSCONE, 2019; BARBOZA et al., 2019, 2020).

O fenômeno da poliploidia foi relatado apenas em um único acesso natural tetraploide de *C. annuum* var. *glabriusculum* ( $2n = 4x = 48$ ) (PICKERSGILL, 1977). A poliploidia pode ser induzida artificialmente, gerando indivíduos com características morfológicas peculiares, tais como crescimento atrofiado, maior área foliar e espessura e folhagem verde-escura (RAGHUVANISH; JOSHI, 1964; INDIRA; ABRAHAM, 1977; RAJA RAO; HARINI; ANIEL KUMAR, 1987; ANIEL KUMAR; RAJA RAO, 2003).

As plantas poliploides de *Capsicum* são estéreis, provavelmente devido a anormalidades cromossômicas observadas na meiose (PAL; RAMANUJAN; JOSHI, 1941). Raja Rao et al. (1987,) após a aplicação de colchicina em brotos vegetativos de *C. annuum*, verificaram um mosaico cromossômico, com estruturas da planta variando de  $2n= 38$  a 96 cromossomos.

A poliploidia pode ser uma importante ferramenta para superar barreiras pós-fertilizações em cruzamentos entre diferentes espécies de *Capsicum*. Malhova (1977) usou o pólen de *C. annuum* autotetraploide em *C. pubescens* para produzir híbridos interespecíficos. Por sua vez, Pochard (1970, 1977) conseguiu gerar um conjunto de trissomias em *C. annuum*. Essas aneuploidias podem ser úteis na identificação de genes presentes em determinados cromossomos, uma vez que ocorre segregação gênica na progênie dos híbridos  $F_1$ , ou devido aos efeitos de dosagem gênica observada em relação aos indivíduos diploides.

As espécies de *Capsicum* vêm sendo avaliadas sob diferentes metodologias citogenéticas, incluindo coloração carmim acético, Feulgen, Giemsa, nitrato de prata, bandeamento com fluorocromos, FISH e citometria de fluxo (SHOPVA, 1966;

LIMAYE; PATIL; 1989; MOSCONE et al., 1993; 1995, 1996, 2003, 2007; POZZOBON; SCHIFINO-WITTMANN; BIANCHETT; 2006; SCALDAFERRO et al., 2006, 2013; 2016; SOUSA et al., 2015; BARBOZA et al., 2019). Essas técnicas têm fornecido importantes informações, ajudando a compreender e elucidar os processos de diversificação, evolução e estabilidade cariotípica do gênero. O desenvolvimento de novos marcadores cromossômicos aliados a novas tecnologias vem fornecendo uma melhor compreensão da organização e funcionamento dos genomas de *Capsicum* (NICOLAÏ et al., 2013; ROMERO-DA-CRUZ et al., 2015; COSTA BATISTA, 2016; TARANTO et al., 2016; GRABRIELE et al., 2018; TAITANO et al., 2019; ZHOU, WAMINAL; KIM, 2019; SCALDAFERRO, 2019).

Para espécies *Capsicum*  $2n = 24$ , os cariótipos são relativamente simétricos, geralmente com 11 pares metacêntricos e 1 par subtlocêntrico (submetacêntrico), cromossomos pequenos, baixo conteúdo de DNA e padrões simples de heterocromatina. Em contraste, as espécies  $2n = 26$  exibem cariótipos mais assimétricos, cromossomos submetacêntricos (subtlocêntricos) e, frequentemente, um par telocêntrico, cromossomos maiores, maior conteúdo de DNA e padrões complexos de heterocromatina (MOSCONE et al., 2007; SCALDAFERRO et al., 2013).

Dentre as técnicas citogenéticas disponíveis, o bandeamento com fluorocromos permite a obtenção de padrões diferenciais de bandas fluorescentes nos cromossomos, possibilitando uma análise mais detalhada e refinada dos cariótipos. Nesse contexto, destaca-se a técnica dupla coloração CMA/DAPI. A utilização dos corantes fluorescentes cromomicina  $A_3$  (CMA) e 4'-6- diamidino-2, fenilindol (DAPI), que se ligam preferencialmente em regiões ricas em bases guanina e citosina (GC), adenina e timina (AT), respectivamente, fornecem informações sobre a composição e distribuição da heterocromatina constitutiva (SCHWEIZER, 1976, 1977; GUERRA, 2000).

O termo heterocromatina, definido por Emil Heitz (1928), é relacionado à compactação diferenciada de regiões cromossômicas no núcleo interfásico. Esse autor observou que os cromossomos são compostos por regiões que não são coradas após a telófase (eucromatina), e por segmentos cromossômicos corados durante todo o ciclo celular (heterocromatina) (PASSARGE, 1979).

A heterocromatina é classificada em constitutiva (HC) e facultativa (HF). A primeira é altamente condensada durante todo o ciclo celular, geralmente

inacessível à transcrição, constituída por sequências repetidas de DNA, tais como, DNA satélite e elementos de transposição sendo, normalmente, pobre em genes. Contudo, a facultativa ora se comporta como HC (altamente condensada, replicação tardia, ausência de atividade gênica), ora se apresenta como eucromatina, alternando em resposta a sinais celulares e de expressão gênica (GUERRA, 1988; ALLSHIRE, MADHANI, 2017).

Diversos artigos foram publicados sobre a composição, padrão de distribuição, função putativa, mecanismos moleculares de formação, regulação, expansão e herança da heterocromatina constitutiva, assim como seus efeitos diretos e indiretos na evolução cariotípica (GUERRA; GARCÍA, 2004; MONDIN; AGUIAR-PERECIN, 2011; GREWAL, JIA, 2007; FEITOZA; GUERRA, 2011; IWATA-OTSUBO et al., 2016; ALLSHIRE; MADHANI, 2017; FENG et al., 2017; JANSSEN; COLMENARES, KARPEN, 2018; SAMOLUK et al., 2019; VAN-LUME et al., 2019).

As técnicas de bandeamento cromossômico com fluorocromos têm sido úteis na caracterização da composição e distribuição da HC permitindo, desse modo, fazer comparações entre espécies ou táxons relacionados, como observado nos estudos do gênero *Solanum* (CHIARINI et al., 2014; MOYETTA et al. 2016; CHIARINI; SAZATORNIL; BERNARDELLO, 2018).

De acordo com bandeamento cromossômico, verificou-se a existência de quatro tipos de heterocromatina constitutiva em *Capsicum*: (1) heterocromatina altamente rica em GC e reduzida em AT (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>); (2) heterocromatina altamente rica em AT e reduzida em GC (CMA<sup>-</sup>/DAPI<sup>++</sup>), presente apenas em *C. campylopodium*, *C. pereirae* e *C. pubescens*; (3) heterocromatina moderadamente rica em GC e neutra em AT (CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>); (4) heterocromatina moderadamente rica em GC e moderadamente rica em AT (CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>+</sup>), reportada apenas em *C. campylopodium* e *C. praetermissum* (MOSCONE et al., 1996, 2007; SCALDAFERRO et al., 2013; SCALDAFERRO; MARTINS et al., 2018; MOSCONE, 2019).

Moscone et al. (1996) utilizando a tripla coloração sequencial (CMA/DA/DAPI) para avaliar o tipo, a quantidade e a distribuição de heterocromatina em 15 acessos pertencentes a cinco espécies cultivadas (*C. annum*; *C. chinense*; *C. frutescens*, *C. baccatum* e *C. pubescens*). Todos os táxons analisados apresentavam  $2n = 2x = 24$  e cariótipo uniforme composto de 11M + 1ST, exceto *C. annum var. annum*, com 10M + 1SM + 1ST. Foi observada a presença dominante de bandas terminais

heterocromáticas ricas em GC (CMA<sup>++</sup>/DAPI). *C. pubescens* apresentou uma maior quantidade de heterocromatina, assim como um padrão assimétrico de distribuição nos dois braços de cada cromossomo. Essa espécie exibe grandes blocos terminais de CMA<sup>++</sup>/DAPI, além de um padrão adicional de banda altamente rica em AT (CMA<sup>-</sup>/DAPI<sup>++</sup>), presente na região terminal ou subterminal do braço longo do par número 10.

### 2.7.1 Citogenética molecular

A Hibridização *In Situ* Fluorescente (FISH) é uma importante ferramenta citomolecular para mapeamento citogenético, incluindo para identificação de *clusters* de DNA ribossomal (DNAr). Os genes ribossomais (18S, 5.8S, 25S) são compostos por centenas a milhares de sequências repetidas em tandem, dispostas em sítios de DNAr 35S e DNAr 5S, localizados independente no genoma de determinada espécie (ROA; GUERRA, 2015).

Em um recente estudo, Grabiele et al. (2018) utilizaram um conjunto de sondas de diferentes regiões da unidade DNAr 18S-25S em oitos espécies do gênero *Capsicum* que apresentavam diferenças no número básico de cromossomos, simetria cariotípica, tipo, número, quantidade, distribuição e tamanho de blocos heterocromáticos. Os autores reportaram a caracterização de um novo tipo de DNA satélite composto por toda a unidade de DNAr 18S-25S. A unidade completa de DNAr 18S-25S está amplificada, dispersa e organizada em tandem nos genomas de espécies  $n = 12$ , sendo o principal constituinte da heterocromatina GC, exceto para as espécies  $n = 13$  analisadas. Nas espécies silvestres ( $n = 13$ ), a hibridização das sondas de DNAr ocorreu apenas nas regiões organizadoras de nucléolos (NORs) ativas, sugerindo que o principal componente da heterocromatina rica em GC nessas espécies é diferente das sequências de DNAr 18S-25S. Os autores também propuseram pistas sobre quais mutações inativaram as unidades de DNAr que formam os blocos de heterocromáticos.

Em *Capsicum*, por meio da técnica FISH, verificou-se que os genes ribossomais 35S e 5S apresentam grande diversidade em número, tamanho e localização entre as espécies domesticadas e silvestres (PARK et al., 2000; SCALDAFERRO et al., 2006; 2013; 2015). Os sítios de DNAr 35s variam entre um único par em *C. rhomboideum* a 30 pares em *C. villosum*. Em *C. annuum*, variaram de um a seis pares, cinco pares em *C. chinense* nove pares em *C. frutescens*, 14

pares em *C. pubescens* e variação entre 14 a 15 pares de sítios 35S em *C. baccatum*. O locus DNAr 5s possui apenas um único par, localizado principalmente em posição intercalar em um cromossomo mediano metacêntrico (AGUILERA et al., 2016; SCALDAFERRO et al., 2016).

A técnica FISH permite a detecção exata de genes ribossomais (DNAr 35S e 5s). Por sua vez, o bandeamento por nitrato de prata (AgNORs) possibilita detectar quais sítios de DNAr 35s estão transcricionalmente ativos por meio de detecção de regiões organizadoras de nucléolos (NORs) em núcleos interfásicos e cromossomos metafásicos (SCALDAFERRO; MOSCONE, 2019).

Scaldaferro et al. (2016), por meio do bandeamento de nitrato de prata identificaram, que as RONS ativas em *Capsicum* variam entre um a quatro pares. A espécie *C. annuum* exibe variação entre um e quatro pares. *C. chinense* e *C. frutescens* apresentam, por sua vez, dois pares, enquanto *C. baccatum* exibe quatro pares ativos. As RONS são evidenciadas como constrições secundárias pelo bandeamento por fluorocromos, e estão localizadas, em sua maioria, no braço curto, variando a localização do par cromossômico entre e dentro espécies. (SCALDAFERRO et al., 2013). Além disso, estão frequentemente associadas a DNA satélite, sendo demonstrado por bandas heterocromáticas CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>. Em *Capsicum*, as RONS estão correlacionadas à heterocromatina rica em pares de base GC, regra no reino vegetal (SINCLAIR, BROWN, 1971; MARQUES et al., 2011; SCALDAFERRO et al., 2013, 2016).

A imunocoloração de proteínas histonas é outra técnica citomolecular aplicada na compreensão do genoma de plantas. Essa técnica usa anticorpos específicos capazes de reconhecer determinadas modificações pós-traducionais presentes nos aminoácidos nas caudas das histonas. Essas alterações químicas incluem metilação, acetilação, fosforilação, ubiquitinação, entre outras, e regulam importantes processos moleculares, tais como replicação, reparo, condensação, recombinação, transcrição e repressão gênica (KOUZARIDES, 2007; FEITOZA; GUERRA, 2011; BRASZEWSKA-ZALEWSKA, et al. 2013; BAÉZ et al., 2019; SCHMITZ; HIGGINS; SEIBERT, 2020).

Um exemplo de modificação histônica é a acetilação da lisina 5 na histona H4 (H4K5ac), uma marca epigenética universalmente associada à expressão gênica, sendo observada, em plantas, mamíferos, aves, insetos, fungos e protozoários

(BISONI et al., 2005; KIMURA et al., 2005; WATERBORG, 2011; FÔNSECA et al., 2014; GUPTA; BOZDECH, 2017; KADAM et al., 2019).

Por outro lado, pouco se sabe sobre os efeitos da fosforilação de histonas e expressão gênica. A fosforilação da serina 10 na histona H3 (H3S10ph) tem sido correlacionada à condensação cromossômica e coesão entre cromátides-irmãs em eucariotos, como plantas (PAULA, et al., 2013; GUERRA; RIBEIRO; FELIX, 2019), vertebrados (SCHIMITZ; HIGGINS; SEIBERT, 2020), *Tetrahymena thermophila* (WEI et al., 1999), *Aspergillus nidulans* (SOUZA et al., 2000), *Caenorhabditis elegans* (CASTELLANO-POZO, et al., 2013).

Em *Capsicum*, até o presente momento, foi relatado um único trabalho identificando os padrões de modificações de histonas. Martins et al. (2018) verificaram que o padrão de marcação HAK5ac ocorreu na cromatina difusa dos núcleos interfásicos e na cromatina terminal descondensada desde a prófase até a metáfase, não exibindo correlação com as fases do ciclo celular. Segundo os autores, esse padrão de marcação pode estar correlacionado com regiões cromossômicas ricas em genes e potencialmente ativas. Já a marcação H3S10ph ocorreu apenas na região pericentromérica em metáfase mitótica, não sendo observada marcação em núcleo interfásico.

## Referências

- ADHIKARI, S. Application of molecular markers in plant genome analysis: a review. **Nucleus**, v. 60, p. 283-297, 2017.
- AGUILERA, P. M. *et al.* FISH-mapping of the 5S rDNA locus in chili peppers (*Capsicum-Solanaceae*). **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 88, n. 1, p. 117-125, 2016.
- ALBRECHT, A. N. *et al.* Genetic diversity and population structure of *Capsicum baccatum* genetic resources. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 59, p. 517-538, 2012.
- ALMEIDA SILVA, N. C.; VIDAL, R.; OGLIARI, J. B. New popcorn races in a diversity microcenter of *Zea mays* L. in the Far West of Santa Catarina, Southern Brazil. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 64, p. 1191-1204, 2016.
- ALLSHIRE, R. C.; MADHANI, H. D. Ten principles of heterochromatin formation and function. **Nature Reviews | Molecular Cell Biology**, v. 19, p. 229-244, 2017.

- ALVARES, R. C.; REIS, E. F.; PINTO, J. F. Genetic divergence in pepper genotypes from southwest goiás. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 36, n. 5, p. 498-506, 2012.
- ALVES, J. J. M.; ARAÚJO, M. A.; NASCIMENTO, S. S. Degradação da Caatinga: uma investigação ecogeográfica. **Revista Caatinga**, v. 22, n. 3, p.126-135, 2009.
- ALTROCK, S.; FÔNSECECA, A.; PEDROSA-HARAND, A. Chromosome identification in the Andean common bean accession G19833 (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). **Genetics and Molecular Biology**, v. 34, n. 3, p. 459-463, 2011.
- ANDREWS, J. **Peppers: The Domesticated Capsicums**. University of Texas Press: Austin, TX, USA, 1995. 274p.
- ANIEL KUMAR, O.; RAJA RAO, K. G. Cytomorphological studies in gamma-ray induced autotriploids of *Capsicum annum* L. **Cytologia**, v. 68, n. 1, p. 45-50, 2003.
- AGUILAR-MELÉNDEZ, A. *et al.* Genetic diversity and structure in semiwild and domesticated Chiles (*Capsicum annum*; Solanaceae) from Mexico. **American Journal of Botany**, v. 96, n. 6, p. 1190-1202, 2009.
- AGUIAR, A. C. *et al.* Comparative Study of Capsaicinoid Composition in *Capsicum* Peppers Grown in Brazil. **International Journal of Food Properties**, v.19, p.1292–1302, 2016.
- AGUILAR-MELÉNDEZ, A. *et al.* *Capsicum annum* (amended version of 2017 assessment). **The IUCN Red List of Threatened Species** 2019: e.T100895534A143826567. Disponível em: < <https://bit.ly/2NBNJkO>>. Acesso: 17 de jan. 2020.
- AMARAL JÚNIOR, A. T. **Análise multivariada e isoenzimática da divergência genética entre acessos de moranga (*Cucurbita máxima Duchesne*)**. Tese (Mestrado em Genética e Melhoramento) - Viçosa - MG, Universidade Federal de Viçosa - UFV, 1994. 95p.
- APG III: An update of the angiosperm phylogeny group classification for the orders and families of flowering plants: APG III. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v.161, p. 105-121, 2009.
- ARAÚJO, F. F. *et al.* Influence of 1-methylcyclopropene on the longevity of potted ornamental peppers. **Agronomy**, v. 14, n. 1, p. 1-7, 2019.
- AZURDIA, C. *et al.* *Capsicum lanceolatum* (errata version published in 2018). 2017a. **The IUCN Red List of Threatened Species** 2017: e.T107657869A135208239. Disponível em: < <https://bit.ly/38fw4Ye>>. Acesso: 17 de jan. 2020.
- AZURDIA, C. *et al.* *Capsicum frutescens*. **The IUCN Red List of Threatened Species**. 2017b. Disponível em: < <https://bit.ly/2TDhfdV>>. Acesso: 17 de jan. 2020.

AZURDIA, C. *et al.* *Capsicum lanceolatum* (errata version published in 2018). **The IUCN Red List of Threatened Species** 2017c. Disponível em: <<https://bit.ly/3anMPCf>>. Acesso: 17 de jan. 2020.

BABA, V. Y. *et al.* Genetic diversity of *Capsicum chinense* accessions based on fruit morphological characterization and AFLP markers. **Genetics Resources and Crop Evolution**, v. 63, p. 1371-1381, 2015.

BAILEY-SERRES, J. *et al.* Genetic strategies for improving crop yields. **Nature**, v. 575, p. 109-118, 2019.

BALLESTEROS, D.; PENCE, V. C. Survival and growth of embryo axes of temperate trees after two decades of cryo-storage. **Cryobiology**, v. 88, p. 110-113, 2019.

BÁEZ, M, *et al.* Together But Different: The Subgenomes of the Bimodal *Eleutherine* Karyotypes Are Differentially Organized. **Frontiers in Plant Science**, v. 10, p. 1-14, 2019.

BAÑUELOS, N.; SALIDO, P. L.; GARDEA, A. Etnobotánica del chiltepín. Pequeño gran señor en la cultura de los sonorenses. **Studios Sociales**, v. 16, n. 32, p. 7-30, 2008.

BARAL, J. B.; BOSLAND, P. W. Unraveling the Species Dilemma in *Capsicum frutescens* and *C. chinense* (Solanaceae): A Multiple Evidence Approach Using Morphology, Molecular Analysis, and Sexual Compatibility. **Journal of the American Society Horticultural Science**, v. 129, n. 6, p. 826-832, 2004.

BARBIERI, R. L.; NEITZKE, R. S.; UENO, B. O agronegócio da pimenta no Rio Grande do Sul. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 2, p. 6033-6041, 2011.

BARBOSA, R. I. *et al.* Pimentas do gênero *Capsicum* cultivadas em Roraima, Amazônia brasileira. I. Espécies domesticadas. **Acta Amazônica**, v. 32, n. 2, p. 177-192, 2002.

BARBOSA, R. I.; JÚNIOR, M. M.; LUZ, F. J. Morphometric patterns and preferential uses of *Capsicum* peppers in the State of Roraima, Brazilian Amazonia. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 4, p. 477-482, 2010.

BARBOZA, G. E.; BIANCHETTI, L. D. B. Three New Species of *Capsicum* (Solanaceae) and a Key to the Wild Species from Brazil. **Systematic Botany**, v. 30, n. 4, p. 863-871, 2005.

BARBOZA, G. E. Lectotypifications, synonymy, and a new name in *Capsicum* (Solanoideae, Solanaceae). **PhytoKeys**, v. 2, p. 23-38, 2011.

BARBOZA, G. E. *et al.* New Endemic Species of *Capsicum* (Solanaceae) from the Brazilian Caatinga: Comparison with the re-circumscribed *C. parvifolium*. **Systematic Botany**, v. 36, n. 3, p. 768-781, 2011.

BARBOZA, G. E. *et al.* Four new species of *Capsicum* (Solanaceae) from the tropical Andes and an update on the phylogeny of the genus. **PloS one**, v. 14, n. 1, p. 1-26, 2019.

BARBOZA, G. E.; BIANCHETTI, L. D. B.; STEHMANN, J. R. *Capsicum carassense* (Solanaceae), a news species from the Brazilian Atlantic Forest. **PhytoKeys**, v. 140, p. 125-138, 2020.

BARCHENGER, D. W.; BOSLAND, P. W. Wild chile pepper (*Capsicum* L.) of North America. In: **North American Crop Wild, Relatives**, Volume 2, Switzerland: Springer, 2019, cap. 7, p. 225-242.

BARCHENGER, D. W.; NARESH, P.; KUMAR, S. Genetic Resources of *Capsicum*. In: *The Capsicum Genome*. Switzerland: Springer, Cham, 2019, cap. 2, p. 9-23.

BATISTA, M. R. A.; FILHO, D. F. S. Caracterização morfoagronômica de pimentas não pungentes do gênero *Capsicum* spp., da Amazônia. **Revista Agro@ambiente**, v. 8, n. 2, p. 204-211, 2014.

BENNETT, D. J; KIRBY, G. W. Constitution and Biosynthesis Capsaicin. **Journal of the Chemical Society**, p. 442-446, 1968.

BISONI, L. *et al.* Female-specific hyperacetylation of histone H4 in the chicken Z chromosome. **Chromosome Research**, v. 13, p. 205-214, 2005.

BORBIRO, I.; BADHEKA, D.; ROHACS, T. Activation of TRPV1 channels inhibits mechanosensitive Piezo channel activity by depleting membrane phosphoinositides. **Science Signaling**, v. 8, p. 01-11, 2015.

BENTO, C. S. *et al.* Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, v. 8, n. 2, p. 149-156, 2007.

BOSLAND, P. W.; GONZALEZ, M. M. The rediscovery of *Capsicum lanceolatum* (Solanaceae), and the importance of nature reserves in preserving cryptic biodiversity. **Biodiversity and Conservation**, v. 9, p. 1391-1397, 2000.

BOSLAND, P. W.; VOTAVA, E. J. **Peppers: vegetable and spice Capsicums**. Wallingford: CABI, 2000. 204p.

BOSLAND, P. W.; VOTAVA, E. J. **Peppers: Vegetable and Spice Capsicums**. 2nd ed. Wallingford: CABI, 2012. 230p.

BOTANIC GARDENS CONSERVATION INTERNATIONAL (BGCI) & IUCN SSC Global Tree Specialist Group 2019. *Capsicum caatingae*. **The IUCN Red List of Threatened Species** 2019: e.T149211901A149211903. Disponível em: <<https://bit.ly/2GcRqK1>>. Acesso: 17 de jan. 2020.

BRASZEWSKA-ZALEWSKA, A. J. *et al.* Tissue-Specific Epigenetic Modifications in Root Apical Meristem Cells of *Hordeum vulgare*. **PLoS ONE**, v. 8, n. 7, p. 1-8, 2013.

CABEZUELO, M. T. *et al.* Role of Vitamin A in Mammary Gland Development and Lactation. **Nutrients**, v. 12, n. 80, p. 1-17, 2020.

CABRAL, P. D. S. *et al.* Diversidade genética de acessos de feijão comum por caracteres agronômicos. **Revista Ciência Agronômica**, v. 42, n. 4, p. 898-905, 2011.

CHAU, M. M.; *et al.* Seed freeze sensitivity and ex situ longevity of 295 species in the native Hawaiian flora. **American Journal of Botany**, v. 106, n. 9, p. 1248-1270, 2019.

CARDOSO, R. *et al.* Genetic variability in Brazilian *Capsicum baccatum* germplasm collection assessed by morphological fruit traits and AFLP markers. **PloS one**, v. 13, n. 5, p. 1-15, 2018.

CARR, A. C.; MAGGINI, S. Vitamin C and Immune Function. **Nutrients**, v. 9, n. 1211, p. 1-25, 2017.

CARRIZO GARCÍA, C. Fruit characteristics, seed production and pollen tube growth in the wild chilli pepper *Capsicum flexuosum*. **Flora**, v. 206, p. 334-340, 2011.

CARRIZO GARCÍA, C. *et al.* Wild *Capsicums*: identification and in situ analysis of Brazilian species. In: Lanteri S, Rotino GL, eds. **Breakthroughs in the genetics and breeding of *Capsicum* and eggplant**. Turin: Eucarpia, p. 205-213, 2013.

CARRIZO GARCÍA, C. *et al.* Phylogenetic relationships, diversification and expansion of chili peppers (*Capsicum*, Solanaceae). **Annals of Botany**, v. 118, p. 35-51, 2016.

CARVALHO, S. I. C. *et al.* **Pimentas do gênero *Capsicum* no Brasil**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2006. 27p.

CARVALHO, S. I. C.; BIANCHETTI, L. B. Botânica e Recursos Genéticos: In: RIBEIRO, C. S. C.; LOPES, C. A.; CARVALHO, S. I. C.; HENZ, G. P.; REIFSCHNEIDER, F. J. B. **Pimentas *Capsicum***. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2008. 39-54p.

CARVALHO, S. I. C. *et al.* Morphological and genetic relationships between wild and domesticated forms of peppers (*Capsicum frutescens* L. and *C. chinense* Jacquin). **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 7447-7464, 2014a.

CARVALHO, A. V. *et al.* Genótipos de Pimentas *Capsicum* spp. durante a maturação. **Boletim de pesquisa e desenvolvimento**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, 2014b, 19p.

CARVALHO, S. I. C. *et al.* Genetic variability of a Brazilian *Capsicum frutescens* germplasm collection using morphological characteristics and SSR markers. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, n. 3, p. 1-18, 2017.

CASALI, V. W. D; COUTO, F. A. A. Origem e botânica de *Capsicum*. **Informe Agropecuário**, v.10, n.113, p. 8-10, 1984.

CASTAÑEDA-ÁLVAREZ, N. P. *et al.* Global conservation priorities for crop wild relatives. **Nature Plants**, v. 2, p. 1-6, 2016.

CASTELLANO-POZO, *et al.* R Loops Are Linked to Histone H3 S10 Phosphorylation and Chromatin Condensation. **Molecular Cell**, v. 52, p. 583-590, 2013.

CASTILLA, L. C. L. *et al.* Structure and genetic diversity of nine important landraces of *Capsicum* species cultivated in the Yucatan Peninsula, Mexico. **Agronomy**, v. 9, n. 376, p. 1-11, 2019.

CATERINA, M. J. *et al.* The capsaicin receptor: a heat-activated ion channel in the pain pathway. **Nature**, v. 389, p. 816-824, 1997.

CHIARINI, F. E. *et al.* Genome size and karyotype diversity in *Solanum* sect. *Acanthophora* (Solanaceae). **Plant Systematics and Evolution**, v. 300, p. 113-125, 2014.

CHIARINI, F.; SAZATORNIL, F.; BERNARDELLO, G. Data reassessment in a phylogenetic context gives insight into chromosome evolution in the giant genus *Solanum* (Solanaceae). **Systematics and Biodiversity**, v. 16, n. 4, p. 397-416, 2018.

CISNEROS-PINEDA, O. *et al.* Capsaicinoids quantification in chili peppers cultivated in the state of Yucatán, Mexico. **Food Chemistry**, v. 104, n. 4, p. 1755- 1760, 2007.

CHOI, S. *et al.* Analysis of the contents of pungent compounds in fresh korean red peppers and in pepper-containing foods. **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 54, p. 9024-9031, 2006.

CHUAH, A. M. *et al.* Effect of cooking on the antioxidant properties of coloured peppers. **Food Chemistry**, v. 111, n. 1, p. 20-28, 2008.

CLEMENT, C. R. *et al.* Origin and Domestication of Native Amazonian Crops. **Diversity**, v. 2, p.72-106, 2010.

COSTA, A. M.; SPEHAR, C. R. Base da diversidade genética. In: **Conservação de Recursos Genéticos no Brasil**. Brasília, DF: Embrapa, 2012, cap. 1, p. 28-65.

COSTA BATISTA, F. R. Cytogenetics in *Capsicum* L. In: **Production and Breeding of Chilli Peppers (*Capsicum spp.*)**. Switzerland: Springer International Publishing Switzerland, 2016, cap. 3, p. 41-56.

COSTA, C. S. R. *et al.* 2007. Pimenta (*Capsicum spp.*). **Embrapa Hortaliças**, Brasília (Embrapa Hortaliças, Sistema de Produção). Disponível em: <<https://bit.ly/2stQnlB>>. Acesso: 15 de jan. 2020.

COSTA, E. *et al.* Diferentes tipos de ambiente protegido e substratos na produção de pimenteiras. **Horticultura Brasileira**, v. 35, p. 458-466, 2017.

COSTA-SILVA, R.; AGRA, M. F. Updates on *Lycianthes* (Solanaceae): a new species from Brazil, notes on taxonomy, and a key to identification of Brazilian species. **Nordic Journal of Botany**, v. e01949, p. 1-8, 2018.

COLLINS, M. D.; WASMUND, L. M.; BOSLAND, P. W. Improved Method for Quantifying Capsaicinoids in *Capsicum* Using Highperformance Liquid Chromatography. **HortScience**, v. 30, n. 1, p. 137-139, 1995.

COLLONA, V. *et al.* Genomic diversity and novel genome-wide association with fruit morphology in *Capsicum*, from 746k polymorphic sites. **Scientific Reports**, p. 1-14, 2019.

CREMONA, G. *et al.* Production of embryo rescued hybrids between the landrace “Friariello” (*Capsicum annum* var. *annuum*) and *C. baccatum* var. *pendulum*: phenotypic and cytological characterization. **Euphytica**, v. 214, n. 129, p. 1-11, 2018.

CRISPIM, J. G. *et al.* Stigma receptivity and anther dehiscence in ornamental pepper. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 4, p. 609-612, 2017.

CRUZ, C. D.; REGAZZI A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001, 390p.

DAGNOKO, S. *et al.* Overview of pepper (*Capsicum* spp.) breeding in West Africa, **African Journal of Agricultural Research**, v. 8, n. 13, p. 1108-1114, 2013.

DAUANAY, M-C.; LATERROT, H. JANICK, J. Iconography and History of Solanaceae: Antiquity to the 17th Century. In: **Horticultural Reviews**, Hoboken, New Jersey: Willey, 2007, cap. 1, p. 1-108.

DEAN, E. A. A taxonomic revision of *Lycianthes* series *Meizonodontae* (Solanaceae). **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 145, p. 385-424, 2004.

DEAN, E. A. *et al.* Identification of the Species of *Lycianthes* series *Tricolores* (Capsiceae, Solanaceae). **Systematic Botany**, v. 42, n. 1, p. 191-209, 2017.

DENG, M. *et al.* The hottest pepper variety in China. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 56, p. 605-608, 2009.

DEWITT D.; BOSLAND, P. W. **The complete chile pepper book: a gardener's guide to choosing, growing, preserving, and cooking**. 1<sup>a</sup> ed. London: Timber Press, 2009. 336p.

DIAS, G. B. *et al.* Characterization of *Capsicum* species using anatomical and molecular data. **Genetics and Molecular Research**, v. 12 n. 4, p. 6488-6501, 2013.

DOMENICO, C. I. *et al.* Caracterização agrônômica e pungência em pimenta de cheiro. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 3, p. 466-472, 2012.

- EGGINK, P. M. *et al.* Capturing flavors from *Capsicum baccatum* by introgression in sweet pepper. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 127, p. 373-390, 2014.
- ELGUETA, A. V. *et al.* Genetic and phenotypic diversity in 2000 years old maize (*Zea mays* L.) samples from the Tarapaca´ region, Atacama Desert, Chile. **PLoS ONE**, v. 14, n. 1, p. 1-20, 2019.
- EMBODEN, W. A. J. R. A preliminary study of the crossing relationships of *Capsicum baccatum*. **Butler University Botanical Studies**, v. 14, n. 1, p. 1-5, 1961.
- ESHBAUGH, W. H. A biosystematic and evolutionary study of *Capsicum baccatum* (Solanaceae). **Brittonia**, v. 22, p. 31-43, 1970.
- ESHBAUGH, W. H. The genus *Capsicum* in Africa. **Bathalia**, v. 14, p. 845-848. 1983.
- ESHBAUGH, W. H.; SMITH, P. G.; NICKRENT, D. *Capsicum tovarii* (Solanaceae), a new species of pepper from Peru. **Brittonia**, v. 35, n. 1, p. 55-60, 1983.
- ESQUINAS-ALCÁZAR, J. Protecting crop genetic diversity for food security: political, ethical and technical challenge. **Nature**, v. 6, p. 946-953, 2005.
- Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), 2017. Disponível em: <<http://www.fao.org/home/en/>>. Acesso: 9 de jan. 2020.
- FEITOZA, L.; GUERRA, M. Different types of plant chromatin associated with modified histones H3 and H4 and methylated DNA. **Genetica**, v. 139, p. 305-314, 2011.
- FERRAZ, R. M. *et al.* Caracterização morfoagronômica preliminar de acessos de pimentas cumari. **Horticultura Brasileira**, v. 34, p. 498-506, 2016.
- FENG, W. *et al.* Large-scale heterochromatin remodeling linked to overreplication-associated DNA damage. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 114, n. 2, p. 406-411, 2017.
- FIGÀS, M. R. *et al.* Characterization of a collection of local varieties of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) using conventional descriptors and the high-throughput phenomics tool Tomato Analyzer. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 62, p. 189-204, 2015.
- FONSECA, R. M. *et al.* Morphologic characterization and genetic diversity of *Capsicum chinense* Jacq. accessions along the upper Rio Negro – Amazonas. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 8, p. 187-194, 2008.
- FONSECA, A. *et al.* Epigenetic Analyses and the Distribution of Repetitive DNA and Resistance Genes Reveal the Complexity of Common Bean ( *Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) Heterochromatin. **Cytogenet Genome and Research**, v. 143, p. 168-178, 2014.

FRANKIN, S. *et al.* The Israeli–Palestinian wheat Landraces collection: restoration and characterization of lost genetic diversity. **Journal of the Science of Food and Agriculture**, v. 99, n. 7, p. 1-10, 2019

FRIEDMAN, J. R. *et al.* Capsaicinoids: Multiple effects on angiogenesis, invasion and metastasis in human cancers. **Biomedicine & Pharmacotherapy**, v. 118, p. 1-9, 2019.

FU, Y-B.; SOMERS, D. J. Genome-Wide Reduction of Genetic Diversity in Wheat Breeding. **Crop Science**, v. 49, p. 161-168, 2009.

GALANO, A.; MARTÍNEZ, A. Capsaicin, a Tasty Free Radical Scavenger: Mechanism of Action and Kinetics. **The Journal of Physical Chemistry**, v. 116, p. 1200-1208, 2012.

GALVÃO, C., Org. Glossário. In: Vetores de doenças de chagas no Brasil [online]. Curitiba: **Sociedade Brasileira de Zoologia**, 2014, p. 264. Zoologia: guias e manuais de identificação series. ISBN 978-85-98203-09-6.

GARCÉS-CLAVER, A. *et al.* Identification, validation and survey of a single nucleotide polymorphism (SNP) associated with pungency in *Capsicum* spp. **Theoretical and Applied Genetics**, v. 115, p. 907-916, 2007.

GELETA, L.F.; LABUSCHAGNE, M. T.; VILJOEN, C. D. Genetic variability in pepper (*Capsicum annuum* L.) estimated by morphological data and amplified fragment length polymorphism markers. **Biodiversity and Conservation**, v. 14, p. 2361-2375, 2005.

GOMES, G. P. *et al.* Combinations of distance measures and clustering algorithms in pepper germplasm characterization. **Horticultura Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 172-179, 2019.

GORDON, E. *et al.* Genetic diversity and population structure of synthetic hexaploid-derived wheat (*Triticum aestivum* L.) accessions. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 66, p. 335-348, 2018.

GONZÁLEZ-JARA, P. *et al.* Impact of Human Management on the Genetic Variation of Wild Pepper, *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*. **PLoS ONE**, v. 6, n. 12, p. 1-11, 2011.

GONZÁLEZ-PÉREZ, S. *et al.* New Insights into *Capsicum* spp. Relatedness and the Diversification Process of *Capsicum annuum* in Spain. **PLoS ONE**, v. 9, n. 12, p. 1-23, 2014.

GRABRIELE, M. *et al.* Highly GC-rich heterochromatin in chili peppers (*Capsicum*-Solanaceae): A cytogenetic and molecular characterization. **Scientia Horticulturae**, v. 238, p. 391-399, 2018.

GRASSI, D.; DESIDERI, G.; FERRI, C. Flavonoids: Antioxidants Against Atherosclerosis. **Nutrients**, v. 2, p. 889-902, 2010.

- GREWAL, S. I. S.; JIA, S. Heterochromatin revisited. **Nature Reviews Genetics**, v. 8, p. 35-46, 2007.
- GROSS, B. L.; OLSEN, K. M. Genetic perspectives on crop domestication. **Trend in Plant Science**, v. 15, n. 9, p. 529-537, 2010.
- GUERRA, M. S. **Introdução à Citogenética Geral**. Editora Guanabara, 1988, 142p.
- GUERRA, M. Patterns of heterochromatin distribution in plant chromosomes. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 4, p. 1029-1041, 2000.
- GUERRA, M.; GARCÍA, M. Heterochromatin and rDNA sites distribution in the holocentric chromosomes of *Cuscuta approximata* Bab. (Convolvulaceae). **Genome**, v. 47, p. 134-140, 2004.
- GUERRA, M.; RIBEIRO, T.; FELIX, L. Monocentric chromosomes in *Juncus* (Juncaceae) and implications for the chromosome evolution of the Family. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 191, p. 475-483, 2019.
- GUPTA, A. P.; BOZDECH, Z. Epigenetic landscapes underlining global patterns of gene expression in the human malaria parasite, *Plasmodium falciparum*. **International Journal for Parasitology**, v. 47, p. 399-407, 2017.
- GURNANI, N. *et al.* Chemical composition, total phenolic and flavonoid contents, and *in vitro* antimicrobial and antioxidant activities of crude extracts from red chilli seeds (*Capsicum frutescens* L.). **Journal of Taibah University for Science**, v. 10, p. 462-470, 2016.
- GUZMÁN, F. A. *et al.* AFLP Assessment of Genetic Diversity of *Capsicum* Genetic Resources in Guatemala: Home Gardens as an Option for Conservation. **Crop Science**, v. 45, p. 363-370, 2005.
- GUZMÁN, F. A. *et al.* Microsatellites to enhance characterization, conservation and breeding value of *Capsicum* germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 67, p. 569-585, 2019.
- HADI, H. E.; VETTOR, R.; ROSSATO, M. Vitamin E as a Treatment for Nonalcoholic Fatty Liver Disease: Reality or Myth?. **Antioxidants**, v. 7, n. 12, p. 1-13, 2018.
- HAGENBLAD, J. *et al.* Geographical distribution of genetic diversity in *Secale* landrace and wild accessions. **BMC Plant Biology**, v. 16, n. 23, p. 1-20, 2016.
- HARLAN J.; DE WET, J. 1971. Towards a rational classification of cultivated plants. **Taxon**, v. 20, p.509-517, 1971.
- HARRISON, F. E.; MAY, J. M. Vitamin C function in the brain: vital role of the ascorbate transporter SVCT2. **Free Radical Biology & Medicine**, v. 46, p. 719-730, 2009.

- HASSAN, N. M. *et al.* Carotenoids of *Capsicum* Fruits: Pigment Profile and Health-Promoting Functional Attributes. **Antioxidants**, v. 8, p. 1-25, 2019.
- HAYANO-KANASHIRO, C. *et al.* Wild Pepper *Capsicum annuum* L. var. *glabriusculum*: Taxonomy, Plant Morphology, Distribution, Genetic Diversity, Genome Sequencing, and Phytochemical Compounds. **Crop Science**, v. 56, p. 1-11, 2015.
- HEISER, C. B.; SMITH, P. G. The Cultivated *Capsicum* Peppers. **Economic Botany**, v. 7, n. 3, p. 214-227, 1953.
- HERNANDÉZ-VERDUGO, S. *et al.* Screening wild plants of *Capsicum annuum* for resistance to pepper huasteco virus (PHV): Presence of viral DNA and differentiation among populations. **Euphytica**, v. 122, p. 31-36, 2001.
- HÉRNANDÉZ-VERDUGO, S. *et al.* Caracterización y variación ecogeográfica de poblaciones de chile (*Capsicum annuum* var. *glabriusculum*) silvestre del Noroeste de México. **Polibotânica**, v. 33, p. 175-191, 2012.
- HERNANDÉZ-VERDUGO, S. *et al.* Plasticidad fenotípica de poblaciones de chile silvestre (*Capsicum annuum* var. *Glabriusculum*) en respuesta a disponibilidad de luz. **Botanical Sciences**, v. 93, n. 2, p. 231-240, 2015.
- HILL, T. A. *et al.* 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. 2, p. 1-16, 2013.
- HUSKINS, C. L.; LA-COUR, L. Chromosome numbers in *Capsicum*. **The American Naturalist**, v. 64, p. 382-384, 1930.
- HUNZIKER, A.T.; BARBOZA G. E. Estudios sobre Solanaceae XLV. Sobre la presencia de *Exodeonus* en Argentina y una novedad en *Capsicum baccatum*. **Kurtziana**, v. 26, p. 23-31, 1998.
- IBIZA, V. P. *et al.*, Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 59, p. 1077-1088, 2012.
- INCE, A. G.; KARACA, M.; ONUS, A. N. Development and utilization of diagnostic DAMD-PCR markers for *Capsicum* accessions. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 56, p. 211-221, 2009.
- INCE, A. G.; KARACA, M.; ONUS, A. N. Genetic Relationships Within and Between *Capsicum* Species. **Biochemical Genetics**, v. 48, p. 83-95, 2010.
- INDIRA, C.; ABRAHAM, S. Morphological and Cytological Studies on a Radiation Induced Polyploid in *Capsicum annuum* Linn. **Cytologia**, v. 42, p. 371-375, 1977.
- INTERNACIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE (IPGRI), 1995. **Descriptors for *Capsicum* (*Capsicum* spp.)**. Disponível em: <<https://bit.ly/2tvUmyC>>. Acesso: 21 de jan. 2020.

International Union for Conservation of Nature (IUCN), 2019. Disponível em: <<https://bit.ly/2v1U5np>>. Acesso: 17 de jan. 2020.

IWATA-OTSUBO, A. *et al.* Highly distinct chromosomal structures in cowpea (*Vigna unguiculata*), as revealed by molecular cytogenetic analysis. **Chromosome Research**, v. 24, p. 197-216, 2016.

JANSSENS, P. L. H. R.; HURSEL, R.; WESTERTERP-PLANTENGA, M. S. Capsaicin increases sensation of fullness in energy balance, and decreases desire to eat after dinner in negative energy balance. **Appetite**, v. 77, p. 44-49, 2014.

JANSSEN, A.; COLMENARES, S. U.; KARPEN, G. H. Heterochromatin: Guardian of the Genome. **Annual Review of Cell and Developmental Biology**, v. 34, p. 265-288, 2018.

JARRET, R. L. *et al.* Diversity of Fruit Quality Characteristics in *Capsicum frutescens*. **HortScience**, v. 42, n. 1, p. 16-19, 2007.

KOFFI-NEVRY, R. *et al.* Antibacterial Activity of Two Bell Pepper Extracts: *Capsicum annum* L. and *Capsicum frutescens*. **International Journal of Food Properties**, v. 15, p. 961-971, 2012.

KADAM, P. *et al.* Does co-transplantation of mesenchymal and spermatogonial stem cells improve reproductive efficiency and safety in mice?. **Stem Cell Research & Therapy**, v. 10, n. 310, p. 1-10, 2019.

KATE, K. T.; LAIRD, S. A. **The Commercial Use of Biodiversity: Access to Genetic Resources and Benefit-Sharing**. London: Routledge, 2019, 414p.

KEMP, R. H. Report of consultant mission on conservation of forest genetic resources in selected countries in Africa. Roma: FO:Misc/76-26. FAO, 1976.

KIMURA, A. *et al.* A Decade of Histone Acetylation: Marking Eukaryotic Chromosomes with Specific Codes. **Journal of Biochemistry**, v. 138, p. 647-662, 2005.

KIM, S. *et al.* Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. **Nature Genetics**, v. 46, n. 3, p. 270–278, 2014.

KRAFT, K. H. *et al.* Multiple lines of evidence for the origin of domesticated chili pepper, *Capsicum annum*, in Mexico. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, p. 1-6, 2014. doi: 10.1073/pnas.1308933111.

KOUZARIDES, T. Chromatin modifications and their function. **Cell**, v. 128, p. 693-705, 2007.

LANNES, S. D. *et al.* Growth and quality of Brazilian accessions of *Capsicum chinense* fruits. **Scientia Horticulturae**, v. 112, p. 266-270, 2007.

LAURENTIN, H. Data analysis for molecular characterization of plant genetic resources. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 56, p. 277-292, 2009.

LEITE, P. S. S. *et al.* Molecular and agronomic analysis of intraspecific variability in *Capsicum baccatum* var. *pendulum* accessions. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, p. 1-16, 2016.

LEFEBVRE, V. Molecular markers for genetics and breeding: development and use in pepper (*Capsicum* spp.). In: **Biotechnology in agriculture and forestry molecular marker systems**. Heidelberg: Springer, p. 189–214, 2004.

LIMA, M. S. C. S. *et al.* Entendimento básico para pronúncia do latim por estudantes de Zoologia. **Revista Eletrônica de Biologia**, v. 6, n. 3, p. 292-302, 2013.

LIMAYE, V. A.; PATIL, V. P. Karyomorphological Studies in the Genus *Capsicum* Linn. **Cytologia**, v. 54, p. 455-463, 1989.

LIPPERT, L. F., SMITH, P. G.; BERGH, B. O. Cytogenetics of the vegetable crops. Garden pepper *Capsicum* sp. **The Botanical Review**, v. 32 n.1, p.24-55, 1966.

LÓPEZ-ESPAÑA, R. G. *et al.* Diferenciación geográfica de poblaciones de chile silvestre (*Capsicum annuum* L. var. *glabriusculum*) del noroeste de Mexico. **Phyton**, v. 85, n. 1, p. 131-141, 2016.

MAIA, S. B. *et al.* Vitamin A and Pregnancy: A Narrative Review. **Nutrients**, v. 11, n. 681, p. 1-18, 2019.

MACDONALD, A. J. *et al.* Amazon deforestation drives malaria transmission, and malaria burden reduces forest clearing. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 116, n. 44, p. 22212-22128, 2019.

MACEDO, V. S. *et al.* Cytogenetic evaluation of chili (*Capsicum* spp., Solanaceae) genotypes cultivated in Valle del Cauca, Colombia. **Act Agronómica**, v. 66, n. 4, p. 612-617, 2017.

MALHOVA, E. Cytoembryology du genre *Capsicum*. **Eucarpia Capsicum**, v. 77, p. 191–197, 1977.

MANUZUR, J. B. *et al.* Successful Wide Hybridization and Introgression Breeding in a Diverse Set of Common Peppers (*Capsicum annuum*) Using Different Cultivated Ají (*C. baccatum*) Accessions as Donor Parents. **PLoS ONE**, v. 10, n. 2, p. 1-18, 2015.

MARÍN, A. *et al.* Characterization and Quantitation of Antioxidant Constituents of Sweet Pepper (*Capsicum annuum* L.). **Journal of Agricultural and Food Chemistry**, v. 52, p. 3861-3869, 2004.

MARQUES, A. *et al.* Characterization of Eu- and Heterochromatin of *Citrus* with a Focus on the Condensation Behavior of 45S rDNA Chromatin. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 134, p. 72-82, 2011.

MARTINS, I. B. A. *et al.* Avaliação do uso de extrato de pimenta-biquinho para produção de geleada. **Revista Brasileira de Agropecuária Sustentável (RBAS)**, v. 5, n. 1, p. 28-34, 2015.

MARTINS, L. *et al.* Heterochromatin distribution and histone modification patterns of H4K5 acetylation and phosphorylation in *Capsicum* L. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, p. 161-168, 2018.

MASCHER, M. *et al.* Genebank genomics bridges the gap between the conservation of crop diversity and plant breeding. **Nature Genetics**, v. 51, p. 1076-1081, 2019.

MAXTED, N. *et al.* Towards a definition of a crop wild relative. **Biodiversity and Conservation**, v. 15, p. 2673-2685, 2006.

MCCOUCH, S. *et al.* Feeding the future. **Nature**, v. 499, p. 23-24, 2013.

MCLEOD, M. J.; GUTTMAN, S. J.; ESHBAUGH, W. H. Early Evolution of Chili Peppers (*Capsicum*). **Economic Botanic**, v. 36, n. 4, p. 361-368, 1982.

MEDINA, C. I.; LOBO, C. I.; GÓMEZ, A. F. Variabilidad fenotípica en poblaciones de ají y pimentón de la colección colombiana del género *Capsicum*. **Revista Corpoica – Ciencia y Tecnología Agropecuaria**, v. 7, n. 2, p. 25-39, 2006.

MELO, L. F. *et al.* Potencial ornamental de acessos de pimenta. **Ciência Rural**, v. 44, n. 1, p. 2010-2015, 2014.

MIGICOVSKY, Z. *et al.* Using Living Germplasm Collections to Characterize, Improve, and Conserve Woody Perennials. **Crop Science**, v. 59, p. 2365-2380, 2019.

MONDIN, M.; AGUIAR-PERECIN, M. L. R. Heterochromatin patterns and ribosomal DNA loci distribution in diploid and polyploid *Crotalaria* species (Leguminosae, Papilionoideae), and inferences on karyotype Evolution. **Genome**, v. 54, p. 718-726, 2011.

MONGKOLPORN, O.; TAYLOR, P. W. J. *Capsicum*. In: **Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources**. Berlim: Springer, 2011, cap. 4, p. 43-57.

MOREIRA, G. R.; *et al.* Espécies e Variedade de pimenteiras. **Informe Agropecuário**, v. 27, 16-29, 2006.

MORENO-RAMÍREZ, Y. D. R. *et al.* Variability in the Phytochemical Contents and Free Radical- Scavenging Capacity of *Capsicum annum* var. *glabriusculum* (Wild Piquin Chili). **Chemistry and Biodiversity**, v.16, p. 1-11, 2019.

MOSCONE, E. A. Chromosome studies on *Capsicum* (Solanaceae) I. Karyotype analysis in *C. chacoense*. **Brittonia**, v. 42, n. 2, p. 147-154, 1990.

MOSCONE, E. A. *et al.* Giemsa C-banded karyotypes in *Capsicum* (Solanaceae). **Plant Systematics And Evolution**, v. 186, p. 213-229, 1993.

MOSCONE, E. A. *et al.* Analysis of active nucleolus organizing regions in *Capsicum* (Solanaceae) by silver staining. **American Journal of Botany**, v. 82, n. 2, p. 276-287, 1995.

MOSCONE, E. A. *et al.* Fluorescent chromosome banding in the cultivated species of *Capsicum* (Solanaceae). **Plant Systematics And Evolution**, v. 202, n. 37-63, 1996.

MOSCONE, E. A. *et al.* Analysis of Nuclear DNA Content in *Capsicum* (Solanaceae) by Flow Cytometry and Feulgen Densitometry. **Annals of Botany**, v. 92, p. 21-29, 2003.

MOSCONE, E. A. *et al.* The Evolution of Chili Peppers (*Capsicum* – Solanaceae): a Cytogenetic Perspective. **Acta Horticulturae**, v. 745, p. 137-170, 2007.

MONTEIRO, E. R. *et al.* Diversidade genética entre acessos de espécies cultivadas de pimentas. **Ciência Rural**, v. 40, n. 2, p. 288-293, 2010.

MOSES, M.; UMAHARAN, P.; DAYANANDAN, S. Microsatellite based analysis of the genetic Structure and diversity of *Capsicum chinense* in the Neotropics. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 61, p. 741-755, 2014.

MOYETTA, N. R. *et al.* Heterochromatin and rDNA patterns in *Solanum* species of the Morelloid and Dulcamaroid clades (Solanaceae). **Plant Biosystems**, p. 539-547, 2016.

NAREZ-JIMÉNEZ, C. A. *et al.* LA DIVERSIDAD MORFOLÓGICA *in situ* DE CHILES SILVESTRES (*Capsicum* spp.) DE TABASCO, MÉXICO. **Revista Fitotecnia Mexicana**, v. 37, n. 3, p. 209-215, 2014.

NASCIMENTO FILHO, H. R.; BARBOSA, R. I.; LUZ, F. J. F. Pimentas do gênero *Capsicum* cultivadas em Roraima, Amazônia brasileira. II. Hábitos e formas de uso. **Acta Amazônica**, v. 37, n. 4, p. 561-568, 2007.

NAVES, E. R. *et al.* Capsaicinoids: pungency beyond *Capsicum*. **Trends in Plant Science**, v. 24, n. 2, p. 109-120, 2019.

NEE, M.; BOHS, L.; KNAPP, S. New species of *Solanum* and *Capsicum* (Solanaceae) from Bolivia, with clarification of nomenclature in some Bolivian *Solanum*. **Brittonia**, v. 58, n. 4, p. 322-356, 2006.

NEITZKE, R. S. *et al.* Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 1, p. 47-53, 2010.

NICOLAÏ, M. *et al.* Genotyping a large collection of pepper (*Capsicum* spp.) with SSR loci brings new evidence for the wild origin of cultivated *C. annuum* and the structuring of genetic diversity by human selection of cultivar types. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 60, p. 2375-2390, 2013.

NOSS, C. F.; LEVEY, D. J. Does Gut Passage Affect Post-dispersal Seed Fate in a Wild Chili, *Capsicum annuum*? **Southeastern Naturalist**, v. 13, n. 3, p. 475-483, 2014.

OLATUNJI, T. L.; AFOLAYAN, A. J. Comparison of nutritional, antioxidant vitamins and capsaicin contents in *Capsicum annuum* and *C. frutescens*. **International Journal of Vegetable Science**, p. 1-19, 2019. DOI: 10.1080/19315260.2019.1629519.

OLMSTEAD, R.G. *et al.* A molecular phylogeny of the Solanaceae. **Taxon**, v.57, n. 4, p. 1159-1181, 2008.

OLGUÍN-ROJAS, J. A.; *et al.* Progression of the Total and Individual Capsaicinoids Content in the Fruits of Three Different Cultivars of *Capsicum chinense* Jacq. **Agronomy**, v. 9, n. 141, p. 1-15, 2019.

ONUS, A. N.; PICKERSGILL, B. Unilateral Incompatibility in *Capsicum* (Solanaceae): Occurrence and Taxonomic Distribution. **Annals of Botany**, v. 94, p.289-295, 2004.

OROBIYI, A. *et al.* Agro-morphological characterization of chili pepper landraces (*Capsicum annuum* L.) cultivated in Northern Benin. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 65, n. 2, p. 555-569, 2018.

ORTIZ, R. *et al.* Classifying vegetable genetic resources - A case study with domesticated *Capsicum* spp. **Scientia Horticulturae**, v. 126, p. 186-191, 2010.

PAULA, C, M. P. *et al.* Distribution pattern of histone H3 phosphorylation at serine 10 during mitosis and meiosis in *Brachiaria* species. **Journal of Genetics**, v. 92, p. 259-266, 2013.

PADAYATTY, S. J. Human adrenal glands secrete vitamin C in response to adrenocorticotrophic hormone. **The American Journal of Clinical Nutrition**, v. 86, p. 145-149, 2007.

PADILHA, H. K. M. *et al.* Genetic variability for synthesis of bioactive compounds in peppers (*Capsicum annuum*) from Brazil. **Food Science and Technology**, v. 35, n. 3, p. 516-523, 2015.

PADILHA, H. K. M.; BARBIERI, R. L. Plant breeding of chili peppers (*Capsicum*, Solanaceae) – A review. **Australian Journal of Basic and Applied Sciences**, v. 10, n. 15, p. 148-154, 2016.

PAL, B. P.; RAMANUJAN, S.; JOSHI, A. B. Colchicine induced polyploidy in crop-plants. II Chilli (*Capsicum annuum* L.). **Indian Journal of Genetics**, v. 1, p. 28–40, 1941.

PARAN, I.; KNAAP, E. V. D. Genetic and molecular regulation of fruit and plant domestication traits in tomato and pepper. **Journal of Experimental Botany**, v. 58, n. 14, p. 3841-3852, 2007.

PARK, Y-K. *et al.* Chromosomal Localization and Sequence Variation of 5S rRNA Gene in Five *Capsicum* Species. **Molecules and Cells**, v. 10, n. 1, p. 18-24, 2000.

PASSARGE, E. Emil Heitz and the Concept of Heterochromatin: Longitudinal Chromosome Differentiation was Recognized Fifty Years Ago. **The American Society of Human Genetic**, v. 31, p. 106-115, 1979.

PEREIRA, L. A. *et al.* Plantas medicinais de uma comunidade quilombola na Amazônia Oriental: Aspectos utilitários de espécies das famílias Piperaceae e Solanaceae. **Revista Brasileira de Agroecologia**, v. 2, n. 2, p. 1385-1388, 2007.

PERRY, L. *et al.* Starch fossils and the domestication and dispersal of chili peppers (*Capsicum spp.* L.) in the Americas. **Science**, v. 315, p. 986-988, 2007.

PEREIRA-DIAS, L. *et al.* Genetic diversity, population structure, and relationships in a collection of pepper (*Capsicum spp.*) landraces from the Spanish centre of diversity revealed by genotyping-by-sequencing (GBS). **Horticulture Research**, v. 6, n. 54, p. 1-13, 2019.

PESSOA, A. M. S. *et al.* Genetic diversity among accessions of *Capsicum annum* L. through morphoagronomic characters. **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2018.

PICKERSGILL, B. Relationships Between Weedy and Cultivated Forms in Some Species of Chili Peppers (Genus *Capsicum*). **Evolution**, v. 25, n. 4, p. 683-691, 1971.

PICKERSGILL, B. Taxonomy and the origin and evolution of cultivated plants in the New World. **Nature**, v. 268, p. 591-595, 1977.

PICKERSGILL, B. P.; HEISER, C. B. Origins and distribution of plants domesticated in the New World Tropics. In **Origins of Agriculture**; Reed, C.A., Ed.; Mouton: The Hague, The Netherlands, p. 803-835, 1977.

PICKERSGILL, B. Cytogenetics and evolution of *Capsicum* L. In: **Chromosome engineering in plants: genetics, breeding, Evolution, Part B**. Amsterdam: Elsevier, 1991, cap. 8, p. 139-160.

PICKERSGILL, B. Genetic resources and breeding of *Capsicum spp.* **Euphytica**, v. 96, p. 129-133, 1997.

PICKERSGILL, B. Domestication of Plants in the Americas: Insights from Mendelian and Molecular Genetics. **Annals of Botany**, v. 100, p. 925-940, 2007.

PINTO, C. M. F.; MARTINS, R. C. Agronegócio Pimenta (*Capsicum sp.*) em Minas Gerais. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 2, p. 5744-5765, 2011.

PINTO, C. M. F. *et al.* Pepper Importance and Growth (*Capsicum spp.*). In: **Production and Breeding of Chilli Peppers**. Switzerland: Springer, 2016, cap. 1, p. 1-25.

PINTO, T. T.; OGLIARI, J. B.; MAGHELLY, O. R. Phenotypic characterization of dryland rice (*Oryza sativa* L.) germplasm conserved in situ (on farm) in a crop-diversity microcenter in southern Brazil. ). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 66, p. 415-427, 2019.

POCHARD, E. Description of trisomic individuals of *Capsicum annuum* L. obtained in progeny of a haploid plant. **Ann Amélior Plant**, v. 20, p. 233–256, 1970.

POCHARD, E. Localisation of genes in *Capsicum annuum* L. by trisomic analysis. **Ann Amélior Plant**, v. 27, p. 255–266, 1977.

POLCZ, M. E. P.; BARBUL, A. The Role of Vitamin A in Wound Healing. **Nutrition in Clinical Practice**, v. 34, n. 5, p. 1-6, 2019.

POTTER, K. M. *et al.* Banking on the future: progress, challenge and opportunities for the genetic conservation of forest trees. **New Forests**, v. 48, p. 153-180, 2017.

POZZOBON, M. T.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; BIANCHETTI, L. D. B. Chromosome numbers in wild and semidomesticated Brazilian *Capsicum* L. (Solanaceae) species: do  $x = 12$  and  $x = 13$  represent two evolutionary lines?. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 151, p. 259-269, 2006.

PROHENS, J. *et al.* Introgressiomics: a new approach for using crop wild relatives in breeding for adaptation to climate change. **Euphytica**, v. 213, p. 1-19, 2017.

RAGHUVANISH, S. S.; JOSHI, S. Cytomorphological Studies on the Colchipooids of *Capsicum frutescens* L. **Cytologia**, v. 29, p. 61-78, 1964.

RAJA RAO, K. G. R.; HARINI, I.; ANIEL KUMAR, O. A. Colchicine induced chromosome mosaicism in chilli pepper (*Capsicum annuum* L.). **Proceedings of the Indian Academy of Science**, v. 97, p. 55-61, 1987.

RAJORA, O. P.; MOSSELER, A. Challenges and opportunities for conservation of forest genetic resources. **Euphytica**, v. 118, p. 197-212, 2001.

RAO, A. V.; RAO, L. G. Carotenoids and human health. Pharmacological. **Research**, v. 55, p. 207-216, 2007.

RECKELHOFF, J. F.; ROMERO, D. G.; CARDOZO, L. L. Y. Sex, Oxidative Stress, and Hypertension: Insights From Animal Models. **Physiology**, v. 34, p. 178-188, 2019.

RÊGO, E. R. *et al.* A diallel study of yield components and fruit quality in chilli pepper (*Capsicum baccatum*). **Euphytica**, v. 168, p. 275-287, 2009.

RÊGO, E. R. *et al.* Morphological and chemical characterization of fruits of *Capsicum* spp. Accessions. **Horticultura Brasileira**, v. 29, n. 3, p. 364-371, 2011a.

- RÊGO, E. R. *et al.* Phenotypic diversity, correlation and importance of variables for fruit quality and yield traits in Brazilian peppers (*Capsicum baccatum*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 58, p. 909-918, 2011b.
- RÊGO, E. R. *et al.* Testing methods for producing self-pollinated fruits in ornamental peppers. **Horticultura Brasileira**, v. 30, p. 669-672, 2012.
- RÊGO, E. R.; FINGER, F. L.; RÊGO, M. M. Types, uses and fruit quality of brazilian chili peppers. In: **Spices: Types, Uses and Health Benefits**. 1<sup>a</sup> ed. New York: Nova Sciencers Publishers, p. 1-15, 2012.
- RÊGO, E. R.; RÊGO, M. M.; FINGER, F. L. Methodological basis and advances for ornamental pepper breeding program in Brazil. **Acta Horticulturae**, p. 309-314, 2015.
- RIBEIRO, C. S. C. *et al.* BRS Juruti: the first Brazilian habanero-type hot pepper cultivar. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 4, p. 527-529, 2015.
- RIBEIRO, C. S. C. *et al.* BRS Tui: a new Biquinho-type pepper cultivar released by Embrapa. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 4, p. 526-528, 2018.
- RIBEIRO, T. *et al.* Diversity of repetitive sequences within compact genomes of *Phaseolus* L. beans and allied genera *Cajanus* L. and *Vigna* Savi. **Chromosome Research**, p. 1-15, 2019.
- RIVERA, A. *et al.* Assessing genetic and phenotypic diversity in pepper (*Capsicum annuum* L.) landraces from North-West Spain. **Scientia Horticulturae**, v. 203, p. 1-11, 2016.
- RIVERA, A. *et al.* The Spanish Core Collection of Common Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): An Important Source of Variability for Breeding Chemical Composition. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1-11, 2018.
- ROA, F.; GUERRA, M. Non-Random Distribution of 5S rDNA Sites and Its Association with 45S rDNA in Plant Chromosomes. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 146, p. 243-249, 2015.
- ROCHA, M. C. *et al.* Descritores quantitativos na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Ciência Rural**, v. 39, n. 3, p. 664-670, 2009.
- RODRÍGUEZ-BURRUEZO, A. *et al.* Variation for bioactive compounds in aji' (*Capsicum baccatum* L.) and rocoto (*C. pubescens* R. & P.) and implications for breeding. **Euphytica**, v. 170, p. 169-181, 2009.
- ROMAN, A. L. *et al.* Uso medicinal da pimenta malagueta (*Capsicum frutescens* L.) em uma comunidade de várzea à margem do rio Amazonas, Santarém, Pará, Brasil. **Ciências Humanas**, v. 6, n. 3, p. 543-557, 2011.

ROMERO-DA-CRUZ, M. V. *et al.* Cytogenetic markers for the characterization of *Capsicum annuum* L. cultivars, **Plant Biosystems - An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology**, v. 151, n. 1, p. 84-91, 2015.

SAMOLUK, S. S. *et al.* Heterochromatin evolution in *Arachis* investigated through genome-wide analysis of repetitive DNA. **Planta**, v. 249, p. 1405-1415, 2019.

SÄRKINEN, T. *et al.* A phylogenetic framework for evolutionary study of the nightshades (Solanaceae): a dated 1000-tip tree. **BMC Evolutionary Biology**, v. 13, n. 214, p. 1-15, 2013.

SANJOG, T. T. *et al.* Molecular Profiling for Genetic Variability in *Capsicum* Species Based on ISSR and RAPD Markers. **Molecular Biotechnology**, v.51, p. 137-147, 2012.

SARPRAS, M. *et al.* Comparative analysis of developmental changes of fruit metabolites, antioxidant activities and mineral elements content in Bhut jolokia and other *Capsicum* species. **Food Science and Technology**, v. 105, p. 363-370, 2019.

SCALDAFERRO, M. A. *et al.* Genomic characterization of the germplasm in peppers (*Capsicum* – *Solanaceae*) by fluorescent in situ hybridization. **Plant Science**, v. 43, p. 291–297, 2006.

SCALDAFERRO, M. A. *et al.* Heterochromatin type, amount and distribution in wild species of chili peppers (*Capsicum*, *Solanaceae*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v 60, p. 693-709, 2013.

SCALDAFERRO, M. A. *et al.* FISH and AgNor mapping of the 45S and 5S rRNA genes in wild and cultivated species of *Capsicum* (*Solanaceae*). **Genome**, v. 59, p. 95-113, 2016.

SCALDAFFERO, M. A.; BARBOZA, G. E.; ACOSTA, M. C. Evolutionary history of the chili pepper *Capsicum baccatum* L. (*Solanaceae*): domestication in South America and natural diversification in the Seasonally Dry Tropical Forests. **Biological Journal of the Linnean Society**, v. 20, p. 1-13, 2018.

SCALDAFERRO, M. A.; MOSCONE, E. A. Cytology and DNA Content Variation of *Capsicum* Genomes. In: **The *Capsicum* Genome**, Switzerland: Springer, Cham, 2019, cap. 4, p. 57-84.

SCALDAFERRO, M. A. Molecular cytogenetic evidence of hybridization in the “purple corolla clade of the genus *Capsicum*” (*C. eximium* × *C. cardenasii*). **Plant Biosystems**, p. 1-7, 2019.

SCHMITZ, M. L.; HIGGINS, J. M. G.; SEIBERT, M. Priming chromatin for segregation: functional roles of mitotic histone modifications. **Cell Cycle**, v. 19, n. 6, p. 625-641, 2020.

SCHULZ, K. *et al.* Grazing reduces plant species diversity of Caatinga dry forests in northeastern Brazil. **Applied Vegetation Science**, v. 22, p. 348-359, 2019.

SCHWEIZER, D. Reverse Fluorescent Chromosome Banding with Chromomycin and DAPI. **Chromosoma**, v. 58, p. 307-324, 1976.

SCHWEIZER, D. R-Banding Produced by DNase I Digestion of Chromomycin-Stained Chromosome. **Chromosoma**, v. 64, p. 117-124, 1977.

SCHREIBER, M. *et al.* Genetic diversity and relationship between domesticated rye and its wild relatives as revealed through genotyping-by-sequencing. **Evolutionary Applications**, v. 12, n. 66, p. 66-77, 2019.

SHOPVA, M. Studies in the genus *Capsicum* I. Species differentiation. **Chromosoma**, v. 19, p. 340-348, 1966.

SEGATTO, F. B. *et al.* Effects of Ethylene on the Post-Production of Potted Ornamental Peppers (*Capsicum annuum* L.). **Acta Horticulturae**, p. 217-222, 2013.

SILVA, C. Q. *et al.* Phenotyping and selecting parents for ornamental purposes in chili pepper accessions. **Horticultura Brasileira**, v. 33, n. 1, p. 66-73, 2015.

SILVA, C. Q. *et al.* Heterosis and combining ability for ornamental chili pepper. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 3, p. 349-357, 2017a.

SILVA, L. B. *et al.* Divergência genética entre acessos de pimentas com base em descritores morfológicos quantitativos. **Caderno de Pesquisa**, v. 29, n. 3, p. 1-8, 2017b.

SILVA, R. N. O. *et al.* Phenotypic diversity in lima bean Landraces cultivated in Brazil, using the Ward-MLM strategy. **Chilean Journal of Agricultural Research**, v. 77, n. 1, p. 35-40, 2017c.

SILVA, J. L. S. *et al.* Climate change will reduce suitable Caatinga dry forest habitat for endemic plants with disproportionate impacts on specialized reproductive strategies. **PLoS ONE**, v. 5, p. 1-24, 2019a.

SILVA, R. N. O. *et al.* High diversity of cultivated lima beans (*Phaseolus lunatus*) in Brazil consisting of one Andean and two Mesoamerican groups with strong introgression between the gene pools. **Genetics and Molecular Research**, v. 18, n. 4, p. 1-15, 2019b.

SINCLAIR, J. H., BROWN, D. D. Retention of common nucleotide sequences in the ribosomal deoxyribonucleic acid of eukaryotes and some of their physical characteristics. **Biochemistry**, v. 10, p. 2761-2769, 1971.

SINGH, P. *et al.* Heterosis and 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**, v. 168, p. 175-188, 2014.

- SOARES, J. V. C.; BENTES, J. L. S.; GASPAROTTO, L. Reação de genótipos de *Capsicum* spp. à podridão do colo (*Sclerotium rolfsii*). **Summa phytopathologica**, v. 43, n. 1, p. 58-59, 2017.
- SOARES, R. S. *et al.* New Brazilian lines of Habanero pepper (*Capsicum chinense*): Morphoagronomic and biochemical characterization in different environments. **Scientia Horticulturae**, v. 261, p. 1-9, 2019.
- SOUZA, C. P, *et al.* Mitotic histone H3 phosphorylation by the NIMA kinase in *Aspergillus nidulans*. **Cell**, v. 102, p. 293–302, 2000.
- SOUZA, S. A. M.; MARTINS, K. C.; PEREIRA, T. N. S. Polimorfismo cromossômico em *Capsicum chinens* Jacq. **Ciência Rural**, v. 41, n. 10, p. 1777-1783, 2011.
- STUMMEL J. R.; BOSLAND, P. W. Ornamental pepper, *Capsicum annuum*. In: **Flower breeding and genetics: issues, challenges and opportunities for the 21st century**. Dordrecht: Springer Science & Business Media, 2006, cap. 21, p. 561–599.
- STRAATEN, H. M. O-V.; MAN, A M. S.; WAARD, M. C. Vitamin C Revisited. **Critical Care**, v. 18, n. 460, p. 1-13, 2014.
- STEWART, C. *et al.* Genetic control of pungency in *C. chinense* via the Pun1 locus. **Journal of Experimental Botany**, v. 58, n. 5, p. 979-991, 2007.
- SUDRÉ, C. P. *et al.* Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.
- SUDRÉ, C. P. *et al.* Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. **Horticultura Brasileira**, v. 24, n. 1, p. 88-93, 2006.
- SUDRÉ, C. P. *et al.* Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 1, p. 283-294, 2010.
- SYUKUR, M. *et al.* Diallel Analysis using Hayman Method to Study Genetic Parameters of Yield Components in Pepper (*Capsicum annuum* L.). **HAYATI Journal of Biosciences**, v. 17, n. 4, p. 183-188, 2010.
- TANG, H.; SEZEN, U.; PATERSON, A. H. Domestication and plant genomes. **Current Opinion in Plant Biology**, v. 13, p. 160-166, 2010.
- TAITANO, N. *et al.* Genome-wide genotyping of a novel Mexican Chile Pepper collection illuminates the history of landrace differentiation after *Capsicum annuum* L. domestication. **Evolutionary Applications**, v. 12, p. 78-32, 2019.
- TARANTO, F. *et al.* Genome-wide SNP discovery and population structure analysis in pepper (*Capsicum annuum*) using genotyping by sequencing. **BMC Genomics**, v.17, n. 943, 2016.

TEODORO-PARDO, C. V.; GARCÍA-VELÁSQUEZ, A.; CORONA-TORRES, T. Chromosome Polymorphism in *Capsicum annuum* L. (Solanaceae) in collections from Puebla, Morelos and Querétaro, México. **Agrociencia**, v. 41, n, 8, p. 873-881, 2007.

TEWKSBURY, J. J. *et al.* In Situ Conservation of Wild Chiles and Their Biotic Associates. **Conservation Biology**, v. 13, n. 1, p. 98-107, 1999.

TONG, N.; BOSLAND, P. *Capsicum tovarii*, a new member of the *Capsicum baccatum* complex. **Euphytica**, v. 109, p. 71-77, p. 1999.

TOQUICA, S. P. *et al.* Molecular Characterization by AFLPs of *Capsicum* Germplasm from the Amazon Department in Colombia, Characterization by AFLPs of *Capsicum*. **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 50, p. 639-647, 2003.

TOYODA, T. *et al.* Anti-Inflammatory Effects of Capsaicin and Piperine on Helicobacter pylori-induced Chronic Gastritis in Mongolian Gerbils. **Helicobacter**, v. 21, p. 131-142, 2015.

VARGHESE, S. *et al.* Chili pepper as a body weight-loss food. **International Journal of Food Sciences and Nutrition**, v. 68, p. 392-401, 2016.

VAN-LUME, B. *et al.* Evolutionary convergence or homology? Comparative cytogenomics of Caesalpinia group species (Leguminosae) reveals diversification in the pericentromeric heterochromatic composition. **Planta**, v. 250, p. 2173-2186, 2019.

VIBRANS, A. C. *et al.* Insights from a large-scale inventory in the southern Brazilian Atlantic Forest. **Scientia Agricola**, v. 77, n. 1, p. 1-12, 2020.

VOTAVA, E. J.; NABHAN, G. P.; BOSLAND, P. W. Genetic diversity and similarity revealed via molecular analysis among and within an *in situ* population and *ex situ* accessions of chiltepin (*Capsicum annuum* var. *glabriusculum*). **Conservation Genetics**, v. 3, n. p. 123-129, 2002.

VOTAVA, E. L.; BARAL, J. B.; BOSLAND, P. W. Genetic diversity of chile (*Capsicum annuum* var. *Annuum* l.) Landraces from northern new Mexico, Colorado, and Mexico. **Economic Botany**, v. 59, n. 1, p. 8-17, 2005.

WASH, B. M.; HOOT, S. B. Phylogenetic relationships of *Capsicum* (Solanaceae) using dna sequences from two noncoding regions: the chloroplast *atpb-rbcL* spacer region and nuclear *waxy* introns. **International Journal of Plant Sciences**, v. 162, n. 6, p.1409-1418, 2001.

WAHYUNI, Y. *et al.* Metabolite biodiversity in pepper (*Capsicum*) fruits of thirty-two diverse accessions: Variation in health-related compounds and implications for breeding. **Phytochemistry**, v. 72, p. 1358-1370, 2011.

WATERBORG, J. Plant histone acetylation: In the beginning. **Biochimica et Biophysica Acta**, v. 1809, p. 353-359, 2011.

WEI, Y. *et al.* Phosphorylation of histone H3 is required for proper chromosome condensation and segregation. **Cell**, v. 97, p. 99–109, 1999.

WEISS, E. A. **Spice crops**. Wallingford: CABI Publishing Series, 2002. 411p.

WEI, J. *et al.* Production and Identification of Interspecific Hybrids between Pepper (*Capsicum annuum* L.) and the Wild Relative (*Capsicum frutescens* L.). **Journal of Agricultural Science and Technology**, v. 21, n. 3, p. 761-769, 2019.

WILLIAMS, D. E. *Lycianthes moziniana* (Solanaceae): an underutilized mexican food plant with “new” crop potential. **Economic Botany**, v. 47, n. 4, p. 387-400, p. 1993.

YAMANAMOTO, S.; DJARWANINGSIH, T.; WIRIADINATA, H. *Capsicum pubescens* (Solanaceae) in Indonesia: Its History, Taxonomy, and Distribution. **Economic Botany**, v. 67, n. 2, p. 161-170, 2013.

YUAN, L-J. *et al.* Capsaicin-containing chili improved postprandial hyperglycemia, hyperinsulinemia, and fasting lipid disorders in women with gestational diabetes mellitus and lowered the incidence of large-for-gestational-age newborns. **Clinical Nutrition**, v. 35, p. 388-393, 2015.

ZEWDIE, Y.; BOSLAND, P. W. Capsaicinoid profiles are not good chemotaxonomic indicators for *Capsicum* species. **Biochemical Systematics and Ecology**, v. 29, p. 161-169, 2001.

ZHOU, H. C.; WAMINAL, N. E.; KIM, H. H. In silico mining and FISH mapping of a chromosome-specific satellite DNA in *Capsicum annuum* L. **Genes & Genomics**, v. 41, p. 1001-1006, 2019.

ZIJLSTRA, S.; PURIMAHUA, C.; LINDHOUT, P. Pollen Tube Growth in Interspecific Crosses between *Capsicum* Species. **HortScience**, v. 26, n. 5, p. 585-586, 1991.

ZINGG, J. M.; MEYDANI, M. Interaction Between Vitamin E and Polyunsaturated Fatty Acids. In: **Vitamin E in Human Health**, Cham. Switzerland: Human Press, 2019, cap. 11, p. 141-159.

ZONNEVELD, M. V. *et al.* Screening Genetic Resources of *Capsicum* Peppers in Their Primary Center of Diversity in Bolivia and Peru. **PloS ONE**, v. 10, n. 9, p. 1-23, 2015.

### 3 Caracterização morfoagronômica e estimativa da diversidade genética em pimentas do gênero *Capsicum* L.

#### RESUMO

As espécies do gênero *Capsicum* apresentam significativa importância socioeconômica, cultural, nutricional e medicinal. O conhecimento acerca da sua diversidade genética é essencial para a exploração dos programas de melhoramento genético e conservação do gênero. Nesse contexto, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar morfológicamente acessos de *Capsicum* presentes no Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI). Foram caracterizados 21 acessos de *Capsicum* de quatro espécies domesticadas por meio de 13 descritores qualitativos multicategóricos e sete descritores quantitativos. O experimento foi conduzido em telado, no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Piauí, no período de maio de 2019 a janeiro de 2020. O delineamento experimental adotado foi inteiramente ao acaso, com quatro repetições, sendo uma planta por parcela. Para estimar a diversidade genética entre os acessos, foi realizada a análise de variância univariada, agrupamento de médias pelo teste de Scott-Knott, método de otimização de Tocher modificado, análise de componentes principais e agrupamento hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). Observaram-se diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) para todos os caracteres quantitativos. A análise de componentes principais mostrou que, apenas no terceiro componente, 77,37 % da variação foi acumulada. Os descritores número de dias para florescimento, número de dias para maturação, largura do fruto e peso fruto foram os que mais contribuíram para divergência entre os genótipos. Contudo, pelo método de Singh, a dissimilaridade foi atribuída pelos descritores número de dias para florescimento e altura da planta. Pelo método de otimização de Tocher sequencial foi possível reunir os acessos em quatro grupos de acordo com os descritores qualitativos multicategóricos. O dendrograma estabelecido pelo método UPGMA formou cinco grupos a partir da combinação de variáveis qualitativas e quantitativas. Constatou-se uma ampla variabilidade genética presente nos genótipos de *Capsicum* conservados no BAGC-UFPI em termos de tamanho, cor e forma dos frutos. Os descritores qualitativos e quantitativos foram capazes de discriminar as espécies e variedades presentes no BAGC-UFPI. O método UPGMA foi o mais eficiente na discriminação dos acessos, sobretudo para *C. frutescens* e *C. chinense*, espécies geneticamente relacionadas. Identificaram-se acessos com potencial para atender diferentes mercados, tais como, cultivo de pimentas em jardins, comercialização *in natura*, produção de geleia ou confecção de conservas e molhos picantes. Os resultados obtidos demonstram a grande diversidade genética presente em pimentas domesticadas. Essas informações são importantes para futuros estudos com enfoque no melhoramento genético e conservação de pimentas *Capsicum*.

**Palavras-chave:** Pimentas *Capsicum*; recursos genéticos, Banco Ativo de Germoplasma, descritores morfológicos.

### 3.1 Introdução

O gênero *Capsicum* L. é nativo das Américas, sendo representado por espécies que apresentam considerável variação morfológica, sobretudo na cor, forma e tamanho dos frutos. Esses, por sua vez, podem ser pungentes, conhecidos popularmente como pimentas, ou não pungentes, os pimentões (PICKERSGILL, 1997; BOSLAND; VOTAVA, 2012; LEITE et al., 2016). Devido às suas propriedades organolépticas peculiares, as pimentas foram introduzidas na Europa no final do século XV, assim como nos países Mediterrâneos, África e Ásia (ANDREWS, 1995; LEFEBVRE, 2004).

Esse gênero abrange cerca de 41 espécies, cinco das quais são domesticadas: *C. annuum* L., *C. chinense* Jacq., *C. frutescens* L., *C. baccatum* L. e *C. pubescens* Ruiz e Pav (CARRIZO GÁRCIA et al., 2016; BARBOZA et al., 2019, 2020). A espécie *C. annuum* é representada pelos pimentões, pimentas-doces (pimenta-verde ou pimenta-americana). É a espécie com maior variabilidade em cor, tamanho e formato dos frutos, sendo a mais estudada e utilizada em programas de melhoramento genético (SILVA et al., 2017a; PESSOA et al., 2018).

*C. chinense* é considerada a espécie mais brasileira em virtude de a bacia amazônica ser o seu centro de diversidade e domesticação. É conhecida popularmente pelas “pimentas-de-cheiro”, variedades com aroma forte e peculiar que as diferenciam das demais espécies domesticadas (BABA et al., 2015; RIBEIRO et al., 2018). A pimenta malagueta e tabasco são as representantes de *C. frutescens*. Seus frutos são pequenos, alongados, vermelhos quando maduros e extremamente picantes. A malagueta é uma das pimentas mais consumidas e cultivadas no Brasil (CARVALHO et al., 2006; CARVALHO et al., 2014).

*C. baccatum* é comumente cultivada da região Sul e Sudeste do Brasil, enquanto *C. pubescens*, devido às suas exigências edafoclimáticas, é a única espécie domesticada não cultivada no Brasil. Do ponto de vista morfológico, *C. pubescens* diferencia-se das demais espécies por apresentar corola roxa e sementes pretas enrugadas (DEWITT; BOSLAND, 2009; RODRÍGUEZ-BURRUEZO et al., 2009; IBIZA et al., 2012).

O Brasil destaca-se por ser um centro de diversidade que concentra espécies domesticadas, semidomesticadas e silvestres. Entretanto, ações antrópicas vêm causando um processo de deterioração dos recursos genéticos, denominado de

erosão genética, com perda significativa da variabilidade genética (CARVALHO et al., 2006; BARBOZA et al., 2020; BIANCHI et al., 2020). Nesse sentido, foi criado o Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI) que, atualmente, possui mais de 250 acessos de pimentas provenientes das regiões Norte, Nordeste, Sudeste, Centro-oeste e Sul do Brasil. O Banco tem com um dos objetivos de conservar a variabilidade genética de *Capsicum* e utilizá-la como matéria-prima em programas de melhoramento genético e conservação.

Os recursos genéticos de *Capsicum* fomentam o desenvolvimento de programas de melhoramento genético com o objetivo de desenvolver cultivares que atendam às exigências do mercado (BARBOZA; BIANCHETTI, 2005; RIBEIRO et al., 2018). Essa exploração econômica só é possível diante de informações detalhadas acerca da estrutura genética e diversidade intra e interespecífica. Nesse contexto, estudos de divergência genética tornam-se imprescindíveis na obtenção de dados que auxiliarão na orientação da escolha de genitores divergentes, métodos de seleção e condução de populações segregantes (CRUZ; REGAZZI, 2001; SYUKUR et al., 2010).

A caracterização morfológica é uma eficiente estratégia empregada para estimar a divergência genética de acessos de pimentas alocados em Bancos de Germoplasma. Em *Capsicum*, diversos trabalhos usaram descritores morfológicos na quantificação de dissimilaridade genética e na identificação de grupos heteróticos (DIAS et al., 2013; PESSOA et al., 2018; COSTA et al., 2019; SOARES et al., 2019).

A análise univariada permite identificar a existência de variabilidade entre diferentes genótipos, considerando cada descritor isoladamente. Essa técnica é a forma mais simples para obter ganhos por cada carácter individual. Contudo, no melhoramento de plantas, a quantificação da divergência genética é realizada por meio da análise simultânea de diversos caracteres, sendo necessária uma abordagem estatística eficiente para extrair informações relevantes em um conjunto de dados. Nesse contexto, as técnicas de análise multivariada ganham destaque por avaliar e representar, de forma mais simples possível, um conjunto de informações provenientes da unidade experimental (CRUZ; REGAZZI, CARNEIRO, 2012).

Assim, o presente trabalho teve como objetivo caracterizar morfológicamente e estimar a diversidade genética em 21 acessos de *Capsicum* pertencentes ao

BAGC-UFPI, com o intuito de fornecer subsídios para novas pesquisas com enfoque no melhoramento genético ou conservação.

### 3.2 Material e Métodos

O experimento foi conduzido em telado coberto por telas tipo sombrite com intensidade de sombreamento de 40%, localizado no Departamento de Fitotecnia, do Centro de Ciências Agrárias, da Universidade Federal do Piauí (UFPI), no município de Teresina - PI, a 72,7 m de altitude, 05°05'05" de latitude S e 42°05' de longitude W, no período de maio de 2019 a janeiro de 2020.

Os 21 acessos de pimentas utilizados, não foram previamente estudados, são pertencentes do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* (BAGC) da UFPI, Laboratório de Recursos Genéticos e Melhoramento de Plantas (RGMP), provenientes de quatro regiões brasileiras (Nordeste, Sudeste, Centro-Oeste e Sul) (Tabela 3).

**Tabela 3.** Os 21 acessos de *Capsicum* do Banco Ativo Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI). (continua).

Nº de Identificação	Nome popular	Espécie	Procedência
BAGC 81	Pimenta dedo-de-moça	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Brasília - DF
BAGC 91	Pimenta-de-cheiro (ardida)	<i>C. chinense</i>	Palmerais - PI
BAGC 110	Pimenta dedo-de-moça	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Teresina - PI
BAGC 114	Jalapeño mexicana	<i>C. var. annuum</i>	Belo Horizonte - MG
BAGC 117	Malagueta preta	<i>C. frutescens</i>	Belo Horizonte - MG
BAGC 122	Pimenta-dedo-de-moça	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Brasília - DF
BAGC 130	Pimentão vermelho	<i>C. var. annuum</i>	Ribeirão Preto - DF
BAGC 131	Pimentão amarelo	<i>C. var. annuum</i>	Ribeirão Preto - DF
BAGC 156	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Jussara - GO
BAGC 157	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Inhumas - GO
BAGC 160	Não identificada	<i>C. chinense</i>	Cáceres - MT
BAGC 163	Não identificada	<i>C. annuum</i> var. <i>annuum</i>	Campinas - SP
BAGC 176	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Caxias do Sul – RS

**Tabela 3.** Os 21 acessos de *Capsicum* do Banco Ativo Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UPI). (conclusão).

<b>Nº de Identificação</b>	<b>Nome popular</b>	<b>Espécie</b>	<b>Procedência</b>
BAGC 177	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Pelotas - RS
BAGC 178	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Rio Grande - RS
BAGC 208	Pitanga	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Montes Claro - MG
BAGC 209	Pimenta amarela	<i>C. chinense</i>	Montes Claro - MG
BAGC 222	Pimenta dedo-de-moça	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Timon – MA
BAGC 242	Pimenta de-cheiro-laranja	<i>C. chinense</i>	Ibiapina - CE
BAGC 250	Pimenta-de-cheiro	<i>C. chinense</i>	Salvador - BA
BAGC 251	Pimenta enxofre ou cajarana	<i>C. chinense</i>	Salvador - BA

**Fonte:** Livro de registro de acessos de pimentas *Capsicum* do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (2020).

Os acessos foram semeados em bandejas de poliestireno expandido, com 128 células, contendo o substrato comercial Plantmax®. Quando as mudas estavam com seis a oito folhas definitivas, foram então transplantadas para vasos de polietileno tamanho 20 (14 litros), contendo substrato com uma parte de terra vegetal e uma parte de húmus. A adubação foi realizada com 2g de sulfato de amônia, 17g de superfosfato simples e 2,5g de cloreto de potássio, conforme a recomendação de Alcântara e Ribeiro (2008). O delineamento experimental utilizado foi o inteiramente ao acaso (DIC), com quatro repetições, sendo uma planta por parcela, no espaçamento 0,40m entre plantas e fileiras.

A caracterização morfoagronômica dos acessos foi baseada nos descritores estabelecidos pelo *Internacional Plant Genetic Resources Institute* para o gênero *Capsicum* (IPGRI, 1995). Foram empregados 20 descritores sendo 13 qualitativos multicategóricos e sete quantitativos. Os descritores qualitativos avaliados foram: constrição anelar do cálice (CAC); cor da corola (CC); cor da antera (CA); cor da mancha da corola (CMC); posição do fruto (PFR); cor do fruto no estado intermediário (CFEI); cor do fruto maduro (CFM); formato do fruto (FFr); hábito de crescimento da planta (HC); firmeza e sustentação da haste (FSH); densidade de folhas (DF); forma

do ápice do fruto (FAFr) e espécie (ESP). Os descritores quantitativos avaliados foram: número de dias para o florescimento (NDF); número de dias para a maturação (NDM); altura da planta (ADP); comprimento do pedicelo (CDP); comprimento do fruto (CDF); largura do fruto (LDF) e peso do fruto (PDF).

Foram avaliadas quatro plantas por cada acesso, sendo colhidos 10 frutos maduros ao acaso por planta para a caracterização. A mensuração do caráter altura da planta foi realizada com auxílio de fita métrica. Já a aferição das características comprimento do pedicelo, comprimento do fruto e largura do fruto foram obtidas por paquímetro digital. O peso dos frutos foi estabelecido em balança digital.

Para estimar a diversidade genética existente entre os acessos, foi realizada a análise de variância univariada (ANOVA) para os setes caracteres quantitativos.

Foi empregado o modelo estatístico abaixo:

$$Y_{ij} = \mu + G_i + \varepsilon_{ij}$$

em que:

$Y_{ij}$ : é a observação do i-ésimo genótipo na j-ésima unidade experimental ou parcela;

$\mu$ : é o efeito constante (média geral);

$G_i$ : é o efeito do i-ésimo genótipo;

$\varepsilon_{ij}$ : é o erro experimental associado ao i-ésimo tratamento e a j-ésima repetição.

Ao verificar a existência de diferenças significativas ( $p < 0,05$ ) entre os genótipos, foi realizado o agrupamento das médias, por meio do teste de Scott-Knott, a 5% de probabilidade (SCOTT; KNOTT, 1974). Em seguida, a partir da distância generalizada de Mahalanobis, foi quantificada a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética, de acordo com o critério proposto por Singh (1981), por meio do programa GENES (CRUZ, 2013).

Os descritores qualitativos foram analisados pelo método de otimização de Tocher (RAO, 1952) modificado (Sequencial), proposto por Vasconcelos et al. (2007) com base na distância euclidiana. Posteriormente, a partir da combinação dos conjuntos de descritores (quantitativos e qualitativos), foi estimada a dissimilaridade genética com base no algoritmo de Gower (1971), seguida pelo agrupamento hierárquico dos acessos pelo método hierárquico de ligação média entre grupos - UPGMA (*unweighted pair-group method using arithmetic*). A validação dos

agrupamentos Tocher sequencial e UPGMA foram obtidas por meio do coeficiente de correlação cofenética (CCC), estabelecido por Sokal e Rohlf (1962).

As análises ANOVA, teste de Scott-Knott, método de Singh (1981) foram executadas no programa GENES (CRUZ, 2013). As análises de componentes principais e plotagem do gráfico Biplot [pacotes *FactoMineR* (HUSSUN et al., 2008) e *Factoextra* (KASSAMBRA; MUNDT, 2019), método de agrupamento de Tocher sequencial, construção do dendrograma UPGMA [(pacotes *BiTools* (SILVA; MALAFIA; MENEZES, 2017) e *Cluster* (MAECHLER et al., 2019)], foram realizadas pelo software R (R Development Core Team, 2018).

### 3.3 Resultados e Discussão

Para os descritores quantitativos, foram observadas diferenças significativas ( $p < 0,05$ ), indicando a existência de variabilidade entre os 21 acessos de pimentas (Figura 4). Os coeficientes de variação experimental (CV%) variaram de 2,77% (NDF) a 23,26% (PDF) (Tabela 4). Silva et al. (2017b) verificavam que os coeficientes de precisão divergiram entre 5,88% a 23,99% em acessos oriundos do BAGC-UFPI. Costa et al. (2019) obtiveram valores entre 6,2 e 31,8% avaliando genótipos do Nordeste brasileiro. Para esta avaliação os coeficientes de variação ambiental, mostraram boa precisão na coleta dos dados e bom controle do ambiente.

**Tabela 4.** Quadrados médios (QM) e coeficientes de variação experimental (CV) obtidos na análise de variância de sete descritores quantitativos de pimentas, avaliados em 21 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI).

F.V.	G.L.	Q.M.						
		NDF	NDM	ADP	CDP	CDF	LDF	PDF
Genótipos	20	2364,51*	1876,91*	3781,59*	10,40*	12,73*	3,92*	218,09*
Resíduo	63	7,13	21,71	26,49	0,12	0,11	0,03	2,53
Total	83							
CV (%)		2,77	3,42	7,76	11,68	8,89	8,39	23,26

\*Significativo a 5% de probabilidade pelo teste F; F.V – Fontes de Variação; G.L – Graus de liberdade; NDF - número de dias para o florescimento; NDM - número de dias para a maturação; ADP - altura da planta; CDP - comprimento do pedicelo; CDF - comprimento do fruto; LDF - largura do fruto; PDF - peso do fruto; CV – coeficiente de variação.

Pessoa et al. (2018), avaliando a diversidade genética de 15 acessos de *C. annuum*, também encontraram diferenças significativas para 28 descritores

morfoagronômicos analisados. Além disso, o CV% variou entre 7,50%, para o número de pétalas, e 30,04% para a altura da primeira ramificação.



**Figura 4.** Acessos de pimentas *Capsicum* do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (ver mais informações na tabela 3). Fotos: Autor.

Considerando os caracteres quantitativos pelo teste de Scott-Knott (Tabela 5), observou-se a formação de 10 grupos em relação ao número de dias para floração (NDF), sendo o acesso BAGC 114 o mais precoce, com 67 dias para florescimento, e o BAGC 209 o mais tardio, com 166 dias. Em relação ao número de dias para maturação (NDM), houve a formação de oito grupos, no qual os acessos BAGC 114

e BAGC 130 foram considerados os mais precoces, e o BAGC 209, o mais tardio (182 dias).

**Tabela 5.** Médias de sete descritores quantitativos avaliados em 21 acessos de pimentas do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*, da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI).

<b>Acesso</b>	<b>NDF</b> (dias)	<b>NDM</b> (dias)	<b>ADP</b> (cm)	<b>CDP</b> (cm)	<b>CDF</b> (cm)	<b>LDF</b> (cm)	<b>PDF</b> (g)
BAGC 81	92,75f	126,75f	105,2b	9,63a	5,13d	2,04f	6,13f
BAGC 91	74,5i	117,0g	39,25i	2,90c	3,74f	3,55b	14,41c
BAGC 110	127,5c	164,0b	54,95g	2,50c	3,91f	2,14f	3,13g
BAGC 114	67,75j	107,75h	59,78f	2,77c	3,90f	2,45e	9,98d
BAGC 117	72,25i	115,5g	52,48g	2,72c	3,09g	0,21k	1,12g
BAGC 122	103,0e	156,5c	63,20f	2,21d	2,59h	1,35i	2,27g
BAGC 130	75,5i	104,5h	47,50h	2,82c	6,88b	3,73a	28,48a
BAGC 131	102,0e	136,5e	32,51i	2,38c	3,94f	3,91a	23,88b
BAGC 156	73,75i	112,0g	60,33f	2,60c	3,34f	1,50h	2,11g
BAGC 157	74,5i	117,0g	68,16e	2,89c	6,05c	0,90j	1,63g
BAGC 160	108,75d	141,75d	57,15f	1,57e	5,09d	1,27i	2,11g
BAGC 163	91,0f	136,75e	37,16i	2,44c	2,89g	1,81g	5,34f
BAGC 176	105,75d	143,0d	67,73e	3,62b	2,86g	3,33b	8,16e
BAGC 177	133,0b	169,0b	90,05c	3,67b	2,37h	2,77d	5,95f
BAGC 178	107,75d	165,5b	52,0g	3,71b	1,78i	2,07f	4,38g
BAGC 208	92,0f	125,25f	78,5d	2,31d	2,35h	1,46h	1,35g
BAGC 209	166,25a	182,75a	74,25d	2,56c	2,53h	1,79g	2,65g
BAGC 222	79,25h	123,5f	75,5d	2,17d	4,35e	1,15i	1,94g
BAGC 242	107,75d	138,25e	60,6f	2,49c	8,82a	1,53h	5,76f
BAGC 250	85,5g	144,0d	176,0a	2,08d	1,32i	1,85g	1,87g
BAGC 251	79,75h	131,75e	40,0i	2,45c	4,39e	3,10c	10,91d

\* Médias seguidas de mesma letra na coluna não diferem estatisticamente entre si, a 5 % de probabilidade, pelo teste de Scott-Knott; NDF - número de dias para o florescimento; NDM - número de dias para a maturação; ADP - altura da planta; CDP - comprimento do pedicelo; CDF - comprimento do fruto; LDF - largura do fruto; PDF - peso do fruto.

Do ponto de vista agrônomo, os produtores de pimenta tem preferência por plantas precoces e produtivas de porte mediano, que produzam frutos pungentes ou não pungentes. Contudo, apesar dos processos de domesticação e seleção, reunir tais características em uma cultivar de pimenta é uma tarefa complexa (DOMENICO et al., 2012).

Nove grupos foram formados para a característica altura da planta (ADP), com o BAGC 250 apresentando altura média de 176,0 cm, enquanto os acessos BAGC 91, BAGC 131, BAGC 163 e BAGC 251 formaram um grupo com médias menores de 40 cm. A altura da planta é um importante descritor que direciona o planejamento da estrutura de uma lavoura. Essa informação é fundamental para decidir quais serão os tratamentos culturais necessários, tais como tutoramento, tipo de tutor, mão-de-obra especializada e despesas com defensivos agrícolas (BENTO et al., 2007). Nesse contexto, plantas menores são indicadas para serem cultivadas em vasos pequenos, enquanto plantas de porte mediano são indicadas para vasos maiores ou destinadas ao paisagismo (NEITZKE et al., 2010; PESSOA et al., 2018). Sendo assim, o acesso BAGC 250 pode ser empregado para essa finalidade.

Para o descritor comprimento do pedicelo (CDP), cinco grupos foram diferenciados. O acesso BAGC 81 apresentou a maior média (9,63 cm) e a amostra BAGC 160 exibiu a menor média (1,57 cm). Variação no comprimento do pedicelo também foi observada em outros trabalhos, corroborando a variabilidade genética presente em *Capsicum* (HEINRICH et al., 2015; SILVA et al., 2017b).

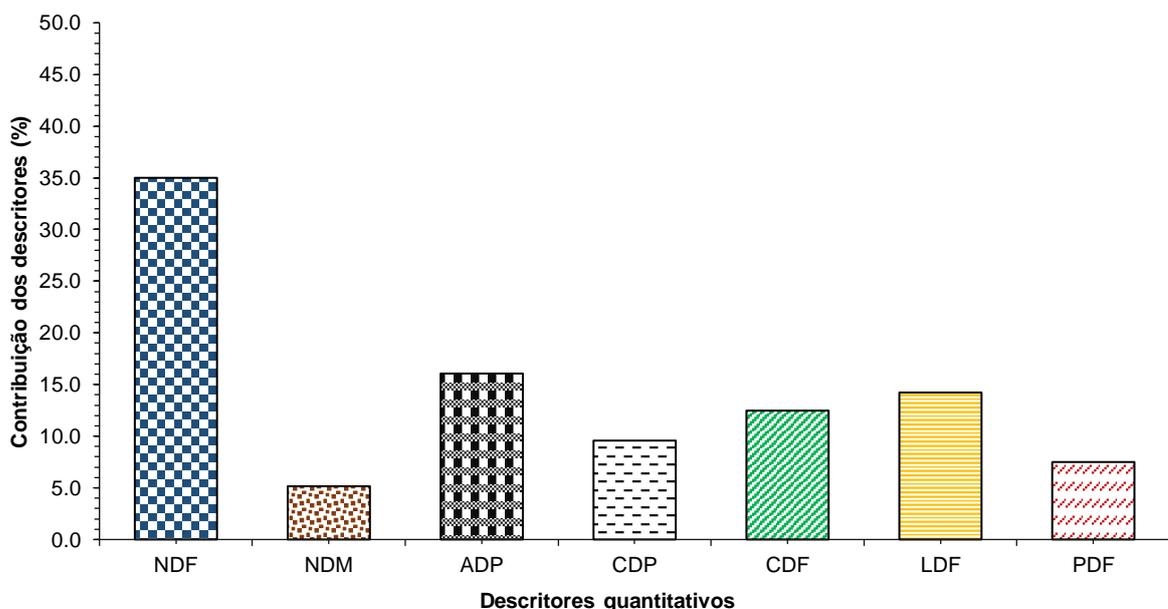
Com base em comprimento do fruto (CDF), geraram-se nove grupos, sendo o acesso BAGC 242 com frutos de maior comprimento (8,82 cm). BAGC 178 e 250 denotaram os menores frutos, com média inferior a 1,78 cm. Para largura do fruto (LDF), onze grupos foram formados. Os acessos BAGC 131 e 130 destacaram-se por apresentar os frutos mais largos (3,91 e 3,73 cm, respectivamente). Em contrapartida, o acesso BAGC 117 caracterizou pela formação de frutos mais estreitos (0,21 cm).

Neitzke et al. (2010) caracterizaram morfologicamente 17 acessos de pimentas do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Embrapa Clima Temperado. Verificaram-se diferenças significativas para oito caracteres quantitativos avaliados. O comprimento médio dos frutos variou entre 1,40 a 8,40 cm em *C. annuum*, enquanto a largura dos frutos, de 0,77 a 5,63 cm em *C. baccatum* e *C. frutescens*, respectivamente.

Os genótipos foram delimitados em setes grupos quanto ao peso do fruto (PDF). Os representantes BAGC 130 e 131 obtiveram as maiores médias (28,48 e 23,88 g, respectivamente). Os acessos BAGC 110, BAGC 122, BAGC 156, BAGC 157, BAGC 160, BAGC 177, BAGC 178, BAGC 208, BAGC 209, BAGC 222 e BAGC 250 constituíram o grupo com os frutos mais leves, com média inferior a 4,38g.

Resultados semelhantes foram obtidos por Cardoso et al. (2018), em um estudo de diversidade genética de acessos de *Capsicum* provenientes de diferentes regiões do Brasil. A variação para peso dos frutos, entre 0,33 a 34,21 g, foi observada. O acesso BAGC 130, conhecido popularmente como pimentão-vermelho (*C. annuum*), apresentou o maior peso de frutos, similarmente a dados prévios de Sudré et al. (2005), que observaram variação em peso de frutos de pimentões crioulos de 25,54 a 48,28g.

Os caracteres quantitativos que mais contribuíram para divergência genética pelo método de Singh (1981) foram: número de dias para floração - NDF (35%), altura da planta - ADP (16,1%), largura do fruto - LDF (14,2%), comprimento do fruto - CDF (12,5%), comprimento do pedicelo - CDP (9,6%), peso do fruto – PDF (7,5%), totalizando 94,9% (Figura 5). O descritor número de dias para maturação - NDM forneceu apenas 5,1% de contribuição relativa, sendo, assim, sugerido para descarte.



**Figura 5.** Contribuição relativa de sete caracteres para o estudo de diversidade genética, proposto por Singh (1981), em 21 acessos do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*, da Universidade Federal do Piauí (BAGC – UFPI).

NDF - número de dias para o florescimento; NDM - número de dias para a maturação; ADP - altura da planta; CDP - comprimento do pedicelo; CDF - comprimento do fruto; LDF - largura do fruto; PDF - peso do fruto.

A partir da análise de componentes principais, obtiveram-se os autovalores e porcentagens da variância explicada por cada componente (Tabela 6). Apenas no terceiro componente (CP3), 77,37 % da variação foi acumulada. Bento et al. (2007) também obtiveram resultado análogo, com apenas três componentes com cerca de 80% da variação total. Contudo, os dois ou três componentes principais não acumulam 80% da variação, fato constatado em variáveis pouco correlacionadas (MANLY, 2008).

**Tabela 6.** Os componentes principais (CPs), autovalores (AV), porcentagem da variância explicada e proporção acumulada (%) para sete descritores quantitativos avaliados em 21 acessos de pimentas, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*, da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI).

Componente principal	AV	AV (%)	% acumulada
CP1	1,5885	36,05	36,05
CP2	1,3071	24,41	60,45
CP3	1,0882	16,92	77,37
CP4	0,9514	12,93	90,30
CP5	0,7289	7,59	97,89
CP6	0,3026	1,30	99,20
CP7	0,2365	7,99	100,0

De acordo com critério de Kaiser (1958), a escolha dos componentes principais que explicam a maior variação do conjunto de dados deve ser baseada em autovalores maiores que 1 ( $AV > 1$ ) (SAVEGNAGO et al., 2011). Com base nesse conceito, fez-se a dispersão dos dois primeiros componentes principais (Figura 6).

Com base nos coeficientes de ponderação (Tabela 7), no coeficiente de ponderação 1 (CP1), ficou evidente número de dias para maturação (NDM) e peso do fruto (PDF) como os descritores de maior contribuição para discriminação dos genótipos, podendo ser denominado de componente de aspecto reprodutivo-productividade. No coeficiente de ponderação 2 (CP2), destacaram-se os descritores número de dias para florescimento (NDF) e largura do fruto (LDF), os quais foram intitulados de componente de reprodutivo-productividade.

**Tabela 7.** Coeficientes de ponderação dos dois primeiros componentes principais com base em sete descritores quantitativos avaliados em 21 acessos de pimenta do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*, da Universidade Federal do Piauí (BAGC – UFPI).

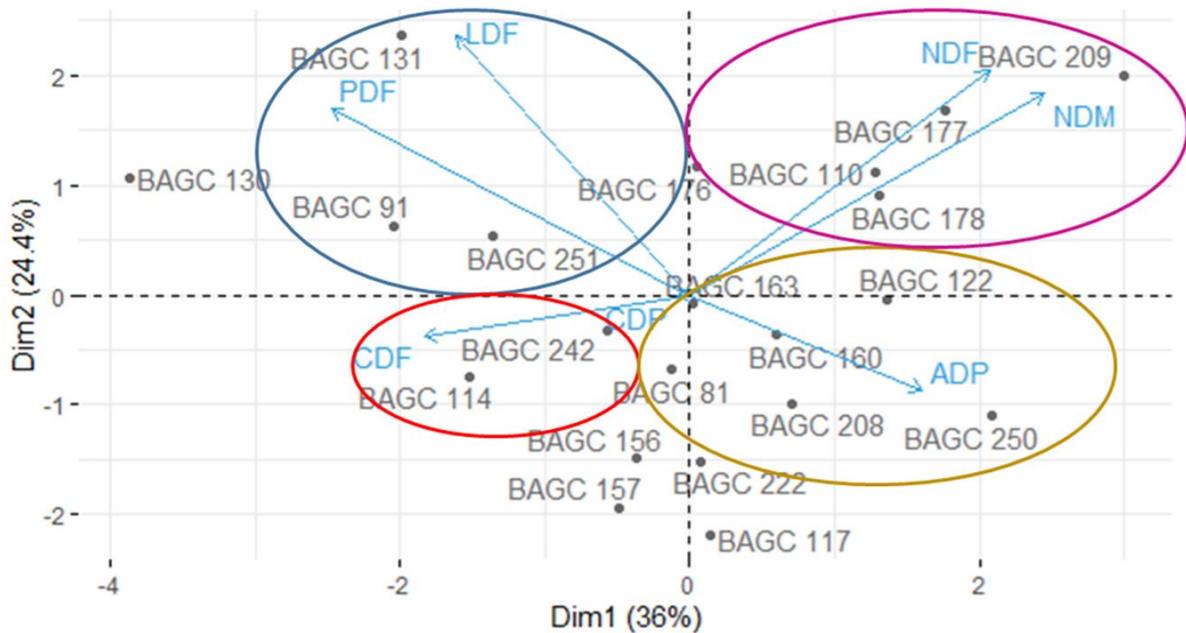
Variável	CP1	CP2
NDF	0,4136	0,4969
NDM	0,4900	0,4466
ADP	0,3216	-0,2127
CDP	- 0,0171	-0,0028
CDF	- 0,3668	-0,0921
LDF	-0,3227	0,5745
PDF	-0,4961	0,4120

NDF - número de dias para o florescimento; NDM - número de dias para a maturação; ADP - altura da planta; CDP - comprimento do pedicelo; CDF - comprimento do fruto; LDF - largura do fruto; PDF - peso do fruto.

No *Biplot* (Figura 6), o genótipo BAGC 130 foi identificado como um dos mais divergentes em relação aos demais. Esse acesso, conhecido popularmente como pimentão-vermelho (*C. annuum*), exibiu maior valor para largura e peso de fruto. As variedades de pimentões, de modo geral, apresentam frutos maiores e de maior peso (RÊGO et al., 2009, 2011). Para os acessos BAGC 91, BAGC 131 e BAGC 251 é possível verificar, por meio do gráfico, que estão próximos e se agruparam em relação ao peso e largura de fruto.

Os acessos BAGC 114 e BAGC 242 formaram um grupo em relação ao caráter comprimento do fruto (CDF). Esse fato está de acordo com o teste de média Scott-Knott, dado que o genótipo BAGC 242 (*C. chinense*) sobressaiu-se em relação aos demais acessos para o tamanho do fruto.

Os genótipos BAGC 81, BAGC 122, BAGC 160, BAGC 163, BAGC 208 e BAGC 250 formaram um grupo para o descritor altura da planta (ADP). O acesso BAGC 250, conhecido popularmente como pimenta-de-cheiro (*C. chinense*), apresentou a maior média (176 cm). Resultado similar foi obtido por Costa (2018), que verificou um genótipo de pimenta-de-cheiro com maior estatura (132 cm). Conforme Blat, Braz e Silva (2007), pimenteiras de porte médio de até cerca de 2,0 m são valorosas para os agricultores, visto que facilitam práticas culturais e a colheita dos frutos.



**Figura 6.** Dispersão gráfica via análise de componentes principais – PCA, considerando os dois primeiros componentes para os descritores quantitativos altura da planta (ADP), número de dias para florescimento (NDF), número de dias para maturação (NDM), comprimento do pedicelo (CDF), comprimento do fruto (CDF), peso do fruto (PDF) e largura do fruto (LDF) de 21 acessos de pimentas, provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum*, da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI).

Os representantes BAGC 110, BAGC 177, BAGC 178 e BAGC 209 agruparam-se em relação aos descritores número de dias para florescimento (NDF) e número de dias para maturação (NDM). Esse agrupamento foi destaque ao apresentar um ciclo tardio de reprodução, assim como estágio de maturação dos frutos. Resultados semelhantes foram relatados por Costa (2018), em que os genótipos de *Capsicum* atingiram o florescimento e maturação em 115 e 184 dias, respectivamente.

Na dispersão gráfica Biplot (Figura 6), os ângulos agudos ( $<90^\circ$ ) entre os descritores designam correlação positiva entre os acessos. Ângulos retos ( $=90^\circ$ ) apontam ausência de correlação e ângulos obtusos ( $>90^\circ$ ) refere-se à correlação negativa (YAN; FRÉGEAU-REID, 2018).

Os caracteres de produção peso do fruto (PDF) e largura do fruto (LDF) exibiram correlação positiva entre si. Contudo, apresentaram correlação negativa com o caráter altura da planta (ADP) (Figura 6). Os descritores número de dias para florescimento (NDF) e número de dias para maturação (NDM) estão correlacionados positivamente, enquanto que apresentam correlação negativa com comprimento do fruto (CDF). O caráter comprimento do pedicelo (CDF) não exibe correlação com nenhum outro descritor.

Pelo método de otimização de Tocher, foi possível agrupar os 21 acessos em quatro grupos distintos com base em 13 descritores qualitativos multicategóricos (Tabela 8). A consistência do método Tocher sequencial foi estabelecida pelo coeficiente de correlação cofenética (CCC= 0,86) proposto por Sokal e Rohlf (1962). Valores acima de 0,80 indicam uma boa representatividade do método de agrupamento (BUSSAB, 1990).

O grupo G1 foi composto por morfotipos da espécie de *C. annum* e *C. baccatum*. Os 10 acessos de *C. baccatum* (BAGC 81, BAGC 110, BAGC 122, BAGC 156, BAGC 157, BAGC 176, BAGC 177, BAGC 178, BAGC 208 e BAGC 222) apresentaram hábito de crescimento ereto, ausência de firmeza (tutoramento), folhagem de densidade esparsa intermediária, corola branca com mancha verde amarelada, anteras amareladas, ausência de constrição anelar do cálice, frutos pendentes com coloração amarela e vermelha, exibindo formatos variados, desde alongado, arredondado, triangular e campanulado.

As pimentas vulgarmente denominadas de dedo-de-moça (*C. baccatum* var. *pendulum*) (BACG 81, BACG 110, BACG 122, BACG 156 e BACG 157) podem ser empregadas na produção de molhos e geleias (CARVALHO et al., 2006; OLIVEIRA et al., 2019). De modo geral, pimentas menos picantes são mais adequadas para a confecção de geleias, já que possuem características apreciadas pelos consumidores, tais como cor avermelhada, aroma e sabor peculiar, sabor adocicado e baixo nível de pungência (ALVES et al., 2019).

**Tabela 8.** Agrupamento dos 21 acessos de pimentas *Capsicum*, estabelecidos pelo método de Tocher Sequencial, a partir da distância euclidiana, com base em 13 descritores qualitativos multicategóricos, com correlação cofenética = 0,86.

<b>Grupo</b>	<b>Acessos</b>
G1	BAGC 110, BAGC 122, BAGC 156, BAGC 114, BAGC 130, BAGC 177, BAGC 222, BAGC 178, BAGC 163, BAGC 208, BAGC 81, BAGC 157, BAGC 176
G2	BAGC 91, BAGC 242, BAGC 209, BAGC 250
G3	BAGC 131, BAGC 160, BAGC 251
G4	BAGC 117

O grupo G1 reuniu também genótipos de *C. annum* (BAGC 114, BACG 130 e BACG 163), exibindo plantas com hábito de crescimento prostrado. Apenas dois

acessos (BAGC 130 e BAGC 163) necessitaram de tutoramento, folhagem esparsa e intermediária, flores com corola branca sem mancha, anteras azul pálido, sem junção entre o cálice e pedúnculo, frutos pendentes com coloração variada do vermelho ao vermelho-escuro, frutos alongados, triangulares e retangulares.

Os frutos de pimentão, quando completamente maduros e vermelhos, podem ser desidratados e moidos para produção da páprica (colorau), um dos condimentos mais consumidos na culinária mundial. A cor vermelha intensa presente nos frutos de *Capsicum* é proveniente de uma gama de pigmentos carotenoides, sobretudo a capsantina e capsorubina (BAENAS et al., 2018; KONISHI et al., 2019). A páprica é considerada uma ótima fonte de compostos fitoquímicos (vitamina C, flavonoides, taninos, fenólicos) com reconhecidos benefícios à saúde humana, como por exemplo, atividade antioxidante e propriedades anticancerígenas (KIM et al., 2016).

O grupo G2 foi constituído por acessos da espécie *C. chinense* (BAGC 91, BAGC 242, BAGC 209 e BAGC 250), com hábito de crescimento prostrado e ereto, caule sem necessidade de tutoramento, densidade foliar esparsa e intermediária, flores com corola branca esverdeada com anteras azuis e roxas, presença de constrição anelar do cálice (caráter específico da espécie), frutos em posição intermediária e pendente, apresentando ampla diversidade em cores, desde laranja pálido, roxo claro e creme, fruto alongados, arredondados, retangulares com ápice pontiagudo, truncado e afundado.

Os frutos das pimentas-de-cheiro são conhecidos pelo seu aroma forte e pungência suave. São comercializadas majoritariamente na forma *in natura*, sendo apreciadas como tempero no preparo de arroz, saladas e peixes (CARVALHO et al., 2006). Sendo assim, os acessos pertencentes ao grupo G2 podem ser comercializados em mercados como hortaliças frescas destinadas ao uso gastronômico.

O grupo G3 foi constituído por genótipos pertencentes à espécie *C. annuum* (BAGC 131) e *C. chinense* (BAGC 160 e 251). O acesso BAGC 131 (pimentão-amarelo) apresentou hábito de crescimento prostrado, sem sustentação ou firmeza, necessitando de tutoramento, densidade foliar intermediária, exibiu corola branca sem mancha, com anteras azuis pálidas, sem constrição anelar do cálice, frutos pendentes com coloração marrom no estágio intermediário de maturação e amarelos quando maduros, frutos retangulares com ápice afundado.

Os acessos de *C. chinense* conhecidos popularmente como pimenta-murupi (BAGC 160) e pimenta-cajarana (BAGC 251) foram caracterizados por plantas de hábito de crescimento prostrado, sem necessidade de tutoramento, presença de folhagem intermediária e densa, flores com corola branca, anteras azul pálido, constrição no pedúnculo do fruto, frutos pendentes e verdes quando no estado intermediário, frutos amarelos ao final da maturação, frutos alongados e retangulares, ápice do tipo afundado e com pontas.

A pimenta murupi é amplamente apreciada na região Norte como condimento porque exibe um característico aroma e sabor picante. Sua comercialização ocorre em feiras sob a forma *in natura* ou como conservas e molhos preparados artesanalmente. Os molhos artesanais produzidos a partir de murupi são destaque nos mercados regionais, além de se sobressaírem em relação a produtos manufaturados similares, em parte, devido ao seu menor valor comercial (CARVALHO et al., 2006; NASCIMENTO FILHO, BARBOZA, LUZ; 2007).

O grupo G4 incluiu apenas o acesso BAGC 117, único representante da espécie *C. frutescens*, conhecido popularmente como malagueta preta. Esse genótipo manifestou caule ereto pubescente, as folhas também apresentaram pubescência, com densidade foliar esparsa, flores com corola branca e anteras azuis, ausência de constrição anelar do cálice, frutos eretos e de cor preta quando imaturos (origem do nome popular), frutos vermelhos alongados quando maduros e ápice pontiagudo.

O genótipo BAGC 117 destacou-se pela presença de pubescência nos caules e folhas. A pubescência foliar em *C. pubescens* foi proposta como um mecanismo de resistência ao pulgão-verde-do pessegueiro (*Myzus persicae*), praga que infecta e transmite vírus pimenteiros. Contudo, não foram encontradas correlações entre a pubescência foliar e o número de pulgões em *C. annuum*. Além do mais, esse debate ainda permanece aberto (BALLINA-GOMEZ et al., 2013).

O grupo das malaguetas é um dos mais conhecidos e consumidos no Brasil, sobretudo na Zona da Mata Mineira, a qual são consumidas *in natura* ou utilizadas em confecção de conservas e molhos. No Nordeste, destaca-se por compor pratos tradicionais, como acarajé e vatapá na Bahia, além outras iguarias à base de carne e peixes (CARVALHO et al., 2003, 2006). Além de uso alimentício, a pimenta malagueta é utilizada em comunidades amazonenses com fins terapêuticos e profiláticos na medicina popular (ROMAN et al., 2011).

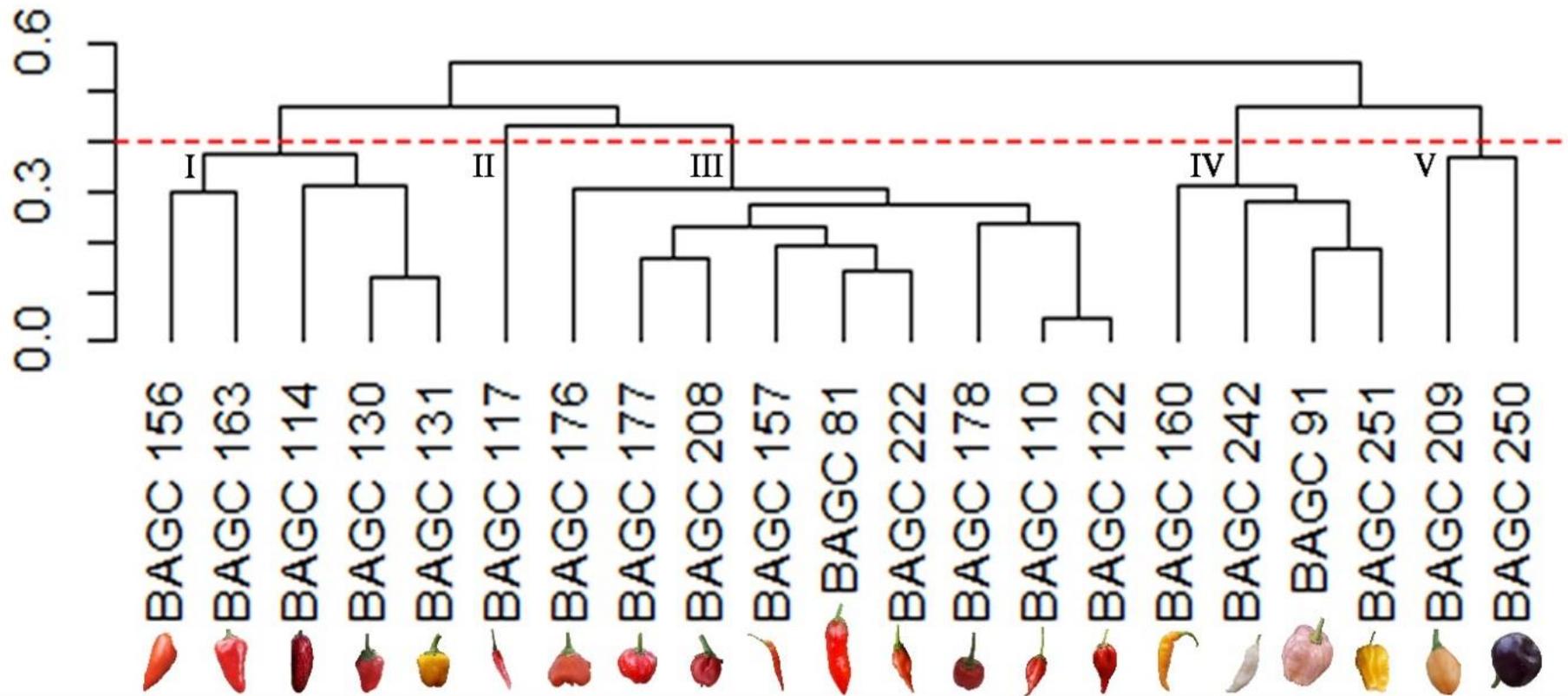
O dendrograma estabelecido pelo método UPGMA (Figura 7), utilizando a distância de Gower a partir da combinação de variáveis qualitativas e quantitativas, formou cinco grupos, considerando o corte de 40% de dissimilaridade média entre os acessos. O coeficiente de correlação cofenética (CCC= 0,82) indicou uma boa representatividade do agrupamento UPGMA (SOKAL, ROHFL, 1962; BUSSAB, 1990).

O Grupo 1 englobou um acesso referente à espécie *C. baccatum* (BAGC 156) e genótipos de *C. annuum* (BAGC 163, BAGC 114, BAGC 130, BAGC 131). Apesar de pertencentes a espécies diferentes, ainda compartilham características em comum, como hábito de crescimento prostrado, densidade foliar do tipo esparsa e intermediária, corola branca e frutos pendentes.

O grupo 2 foi composto pelo único representante da espécie *C. frutescens* (BAGC 117), nomeada vulgarmente de pimenta malagueta preta. Esse acesso distinguiu-se dos demais por apresentar plantas com pubescência nos caules e folhas, além de frutos eretos e pretos quando imaturos.

O Grupo 3 reuniu nove acessos (BAGC 176, BAGC 177, BAGC 208, BAGC 157, BAGC 81, BAGC 222, BAGC 178, BAGC 110 e BAGC 122), todos pertencentes à espécie *C. baccatum*. Esses apresentaram hábito de crescimento prostrado e ereto, firmeza e sustentação da haste, densidade foliar esparsa, flores com corola branca, com mancha verde amarelada, anteras amarelas, sem constrição entre o pedúnculo e fruto, frutos pendentes, frutos maduros do vermelho ao vermelho escuro. Dentro desse grupo, é notória a similaridade fenotípica (corola branca, com mancha verde amarelada, anteras amarelas, sem constrição anelar do cálice, frutos pendentes, triangulares e pontiagudos, frutos castanhos escuros no estado intermediário e vermelhos quando maduros etc. Entre os acessos BAGC 110 e BAGC 122, ao observar as variáveis qualitativas, não foi identificada nenhuma diferença, apesar de serem provenientes de diferentes localidades sendo, assim, pode-se inferir como duplicatas. Contudo, é necessário o complemento da genotipagem molecular para confirmar essas duplicatas.

O Grupo 4 foi constituído por genótipos de *C. chinense* (BAGC 160, BAGC 242, BAGC 91 e BAGC 251). Frutos pendentes, hábito de crescimento prostrado, sem necessidade de tutoramento, corola predominantemente branca esverdeada, constrição anelar do cálice, frutos pendentes e de cor verde quando imaturos são características desses acessos.



**Figura 7.** Dendrograma obtido a partir da análise combinada de descritores quantitativos e qualitativos em 21 acessos de *Capsicum*, por meio da distância generalizada de Gower e do método de agrupamento UPGMA. Corte a 40% formando cinco grupos e coeficiente de correlação cofenética (CCC) = 0,82.

O acesso BAGC 160 (pimenta-murupi) destacou-se dos demais por apresentar frutos alongados e amarelos, além de superfície extremamente enrugada. Esse morfotipo é tradicionalmente cultivado na região norte do Brasil, perfazendo parte da culinária amazonense (CARVALHO et al., 2006).

Nesse contexto, pode-se afirmar que os descritores morfológicos foram eficientes na caracterização de genótipos de *Capsicum*. Os Grupos 2 e 5 foram, por exemplo, constituídos por acessos pertencentes às espécies *C. frutescens* e *C. chinense*, respectivamente. Apesar da estreita similaridade genética entre esses táxons, os descritores como constrição entre o pedúnculo e fruto foram essenciais na identificação e diferenciação dos acessos avaliados.

O emprego de descritores morfológicos associados a técnicas multivariadas foram eficazes na diferenciação da diversidade genética intra e interespecífica dos genótipos de pimentas estudados, fato corroborado por outros trabalhos que utilizaram abordagens similares na avaliação da diversidade genética em outras hortaliças, como, por exemplo, em tomate (KARASAWA et al., 2005; FIGUEREDO et al., 2017; KANDEL et al., 2019), berinjela (ARAMENDIZ-TATIS et al., 2011), abóbora (PRIORI et al., 2018), abobrinha (SÁNCHEZ DE LA VEGA et al., 2018), batata (ANOUMAA et al., 2016), mandioca (GILES et al., 2018) e melão (ANDRADE et al., 2019).

A partir das análises realizadas, foi possível constatar que os genótipos de *Capsicum* não se agruparam em virtude de suas localidades, fato que sugere que a diversidade genética nos acessos analisados provavelmente está relacionada às espécies e variedades. Estudos similares também observaram ausência de correlação geográfica e distância genética entre genótipos de *Capsicum* (Moura et al., 2010; Costa et al., 2015, Costa, 2018; Cardoso et al., 2018; Maciel et al., 2019).

É necessário, portanto, destacar a importância de atividades de caracterização de bancos de germoplasma e o conhecimento detalhado sobre diferentes acessos, permitindo aos melhoristas elaborar estratégias mais eficientes para o uso e conservação dos recursos genéticos (LANNES et al., 2007; SUDRÉ et al., 2010; DOMENICO et al., 2012; MELO et al., 2014; GOMES et al., 2019, BIANCHI et al., 2020).

### 3.4 Conclusão

A coleção de genótipos de *Capsicum* da UFPI possui uma grande variabilidade genética intra e interespecífica. Os descritores quantitativos e qualitativos foram capazes de discriminar as espécies e as variedades presentes no BAGC. O método UPGMA foi o mais eficiente na discriminação dos acessos em *Capsicum*, sobretudo para as espécies *C. frutescens* e *C. chinense*, espécies geneticamente relacionadas.

Os resultados obtidos são significativos por confirmar a grande diversidade genética presente em pimentas domesticadas. Os acessos avaliados podem potencialmente atender a diferentes mercados, tais como cultivo de pimentas em jardins (BAGC 250), comercialização na forma *in natura* (BAGC 160), produção de molhos e geleias (BAGC 81, BAGC 110, BAGC 122, BAGC 156 e BAGC157), hortaliças destinadas ao uso gastronômico (BAGC 91, BAGC 242 e BAGC 209) ou confecção conservas e molhos picantes (BAGC 117). As informações aqui obtidas podem fornecer, portanto, subsídios para o desenvolvimento de novas pesquisas com enfoque no melhoramento genético de características como número de dias para florescimento, número de dias para maturação, altura da planta e peso do fruto, ou voltados para a sua conservação.

### Referências

ALCÂNTARA, F. A.; RIBEIRO, C. S. C. Solos e Adubação: In: RIBEIRO, C. S. C.; LOPES, C. A.; CARVALHO, S. I. C.; HENZ, G. P.; REIFSCHNEIDER, F. J. B. **Pimentas *Capsicum***. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2008. 81-93p.

ANDREWS, J. **Peppers: The Domesticated *Capsicums***. University of Texas Press: Austin, TX, USA, 1995. 274p.

ALVES, J. A. *et al.* Characterization, processing potential and drivers for preference of pepper cultivars in the production of sweet or spicy jellies. **Journal of Food Science and Technology**, v. 56, n. 2, p. 624-633, 2019.

ANDRADE, I. S. *et al.* Morphoagronomic genetic diversity of Brazilian melon accessions based on fruit traits. **Scientia Horticulturae**, v. 243, p. 514-523, 2019.

ANOUMAA, M. *et al.* Characterization of Potato (*Solanum tuberosum* L.) Genotypes from the Western Highlands Region of Cameroon Using Morphological and Agronomic Traits. **Journal of Plants Sciences**, v. 4, n. 6, p. 185-194, 2016.

- ARAÚJO, C. M. M. *et al.* Morphoagronomic characteristics display high genetic diversity in Murupi chili pepper landraces. **Horticultura brasileira**, v. 36, n. 1, p. 83-87, 2018.
- ARAMENDIZ-TATIS, H. *et al.* Potencial agronômico e divergência genética entre genótipos de berinjela nas condições do Caribe Colombiano. **Horticultura brasileira**, v. 29, n. 2, p. 174-180, 2011.
- BABA, V. Y. *et al.* Genetic diversity of *Capsicum chinense* accessions based on fruit morphological characterization and AFLP markers. **Genetics Resources and Crop Evolution**, v. 63, p. 1371-1381, 2015.
- BAENAS, N. *et al.* Industrial use of pepper (*Capsicum annum* L.) derived products: technological benefits and biological advantages. **Food Chemistry**, v. 274, p. 872-885, 2018.
- BALLINA-GOMEZ, H. Response of *Bemisia tabaci* Genn. (Hemiptera: Aleyrodidae) Biotype B to Genotypes of Pepper *Capsicum annum* (Solanales: Solanaceae). **Neotropical Entomology**, v. 42, p. 205-210, 2013.
- BARBOZA, G. E.; BIANCHETTI, L. D. B. Three New Species of *Capsicum* (Solanaceae) and a Key to the Wild Species from Brazil. **Systematic Botany**, v. 30, n. 4, p. 863-871, 2005.
- BARBOZA, G. E. *et al.* Four new species of *Capsicum* (Solanaceae) from the tropical Andes and an update on the phylogeny of the genus. **PloS one**, v. 14, n. 1, p. 1-26, 2019.
- BARBOZA, G. E.; BIANCHETTI, L. D. B.; STEHMANN, J. R. *Capsicum carassense* (Solanaceae), a new species from the Brazilian Atlantic Forest. **PhytoKeys**, v. 140, p. 125-138, 2020.
- BENTO, C. S. *et al.* Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, v. 8, n. 2, p. 149-156, 2007.
- BIANCHI, P. A. *et al.* Biomorphological characterization of Brazilian *Capsicum chinense* Jacq. Germplasm. **Agronomy**, v. 10, n. 3, p. 1-17, 2020.
- BLAT, S. F.; BRAZ, L. T.; ARRUDA, A. S. Avaliação de híbridos duplo de pimentão. **Horticultura brasileira**, v. 25, n. 3, p. 350-357, 2007.
- BOSLAND, P. W.; VOTAVA, E. J. **Peppers: Vegetable and Spice Capsicums**. 2nd ed. Wallingford: CABI, 2012. 230p.
- BUSSAB, W.O.; MIAZAKI, E.S.; ANDRADE, D.F.. **Introdução à análise de agrupamentos**. São Paulo: Associação Brasileira de Estatística, 1990.105p.

- CARDOSO, R. *et al.* Genetic variability in Brazilian *Capsicum baccatum* germplasm collection assessed by morphological fruit traits and AFLP markers. **PloS one**, v. 13, n. 5, p. 1-15, 2018.
- CARRIZO GARCÍA, C. *et al.* Phylogenetic relationships, diversification and expansion of chili peppers (*Capsicum*, Solanaceae). **Annals of Botany**, v. 118, p. 35-51, 2016.
- CARVALHO, S. I. C. *et al.* **Catálogo de germoplasma de pimentas e pimentões (*Capsicum spp.*) da Embrapa Hortaliças**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2003. 49p. (Embrapa Hortaliças. Documentos, 49).
- CARVALHO, S. I. C. *et al.* **Pimentas do gênero *Capsicum* no Brasil**. Brasília: Embrapa Hortaliças, 2006. 27p. (Documentos, 94).
- CARVALHO, S. I. C. *et al.* Morphological and genetic relationships between wild and domesticated forms of peppers (*Capsicum frutescens* L. and *C. chinense* Jacquin). **Genetics and Molecular Research**, v. 13, n. 3, p. 7447-7464, 2014.
- COSTA, L. V. *et al.* Caracterização de acessos de pimentas do Amazonas. **Horticultura brasileira**, v. 33, p. 290-298, 2015.
- COSTA, G. N. **Diversidade genética e avaliação do potencial ornamental de acessos de pimentas (*Capsicum spp.*)**. 2018. 89p. Dissertação (Mestrado/Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina, 2018.
- COSTA, G. N. *et al.* Selection of pepper accessions with ornamental potential. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 2, p. 566-574, 2019.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390p.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J.; CARNEIRO, P. C. S. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 4. ed. Viçosa: Editora UFV, 2012. 514p.
- CRUZ, C. D. GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. **Acta Scientiarum**, v. 35, n. 3, p.271-276, 2013.
- DEWITT D.; BOSLAND, P. W. **The complete chile pepper book: a gardener's guide to choosing, growing, preserving, and cooking**. London: Timber Press, 2009. 336p.
- DIAS, G. B. *et al.* Characterization of *Capsicum* species using anatomical and molecular data. **Genetics and Molecular Research**, v. 12 n. 4, p. 6488-6501, 2013.
- DOMENICO, C. I. *et al.* Caracterização agrônômica e pungência em pimenta de cheiro. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n. 3, p. 466-472, 2012.
- FERREYRA, M. J. *et al.* Characterization of common bean wild populations for their in situ conservation in Northwestern Argentina. **Euphytica**, v. 213, n. 189, p. 1-15, 2017.

- FIGUEIREDO, A. S. T. *et al.* Genetic divergence among processing tomato hybrids and formation of new segregating populations. **Ciência e Agrotecnologia**, v. 41, n. 3, p. 279-287, 2017.
- GILES, J. A. D. *et al.* Agronomic performance and genetic divergence between genotypes of *Manihot esculenta*. **Anais da Academia Brasileira de Ciências**, v. 90, n. 4, p. 3639-3648, 2018.
- GOMES, G. P. *et al.* Combinations of distance measures and clustering algorithms in pepper germplasm characterization. **Horticultura Brasileira**, v. 37, n. 2, p. 172-179, 2019.
- GOWER, J. C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857-874, 1971.
- HUSSON, F. *et al.* FactoMineR: An R Package for Multivariate. **Analysis. Journal of Statistical Software**, v. 25, n. 1, p. 1-18, 2008
- HEINRICH, A. G. *et al.* Caracterização e avaliação de progênies autofecundadas de pimenta biquinho salmão. **Horticultura brasileira**, v. 33, n. 4, p. 465-470, 2015.
- IBIZA, V. P. *et al.* Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. **Genetic Resources Crop Evolution**, v. 59, p. 1077-1088, 2012.
- INCE, A. G.; KARACA, M.; ONUS, A. N. Genetic Relationships Within and Between *Capsicum* Species. **Biochemical Genetics**, v. 48, p. 83-95, 2010.
- INTERNACIONAL PLANT GENETIC RESOURCES INSTITUTE (IPGRI). **Descritores para *Capsicum*** - (*Capsicum* spp.). Roma, 1995. 51p.
- KAISER, H. F. 1958. The varimax criterion for analytic rotation in factor analysis. **Psychometrika**, v. 23, p. 187-200, 1958.
- KANDEL, D. R. *et al.* Genetic Diversity and Population Structure of Tomato (*Solanum lycopersicum*) Germplasm Developed by Texas A&M Breeding Programs. **American Journal of Plant Sciences**, v. 10, p. 1154-1180, 2019.
- KARASAWA, M. *et al.* Aplicação de métodos de agrupamento na quantificação da divergência genética entre acessos de tomateiro. **Horticultura brasileira**, v. 23, n. 4, 1000-1005, 2005.
- KASSAMBARA, A.; MUNDT, F. **Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses**. R package version 1.0.6., 2019.
- KIM, H-G. *et al.* Binding, Antioxidant and Anti-proliferative Properties of Bioactive Compounds of Sweet Paprika (*Capsicum annuum* L.). **Plant Foods Human Nutrition**, v. 71, p. 129-136, 2016.

- KONISHI, A. *et al.* Detection of quantitative trait loci for capsanthin content in pepper (*Capsicum annuum* L.) at different fruit ripening stages. **Breeding Science**, v. 69, n. 1, p. 1-10, 2019.
- LANNES, S. D. *et al.* Growth and quality of Brazilian accessions of *Capsicum chinense* fruits. **Scientia Horticulturae**, v. 112, p. 266-270, 2007.
- LEFEBVRE, V. Molecular markers for genetics and breeding: development and use in pepper (*Capsicum* spp.). In: **Biotechnology in agriculture and forestry molecular marker systems**. Heidelberg: Springer, 2004, p. 189–214.
- LEITE, P. S. S. *et al.* Molecular and agronomic analysis of intraspecific variability in *Capsicum baccatum* var. *pendulum* accessions. **Genetics and Molecular Research**, v. 15, n. 4, p. 1-16, 2016.
- MAECHLER, M. *et al.* **Cluster: Cluster Analysis Basics and Extensions**. R package version 2.1.0., 2019.
- MACIEL, G. M. *et al.* Genetic diversity of brazilian pepper based on qualitative reproductive traits. **Ciência Agrícola**, v. 17, n. 3, p. 1-11, 2019.
- MANLY, B. F. J. **Métodos Estatísticos Multivariados: Uma Introdução**. Porto Alegre: Artmed/Bookman, 2008. 229 p.
- MELO, L. F. *et al.* Potencial ornamental de acessos de pimenta. **Ciência Rural**, v. 44, n. 1, p. 2010-2015, 2014.
- MOURA, M. C. *et al.* Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. **Horticultura brasileira**, v. 28, p. 155-161, 2010.
- NASCIMENTO FILHO, H. R.; BARBOSA, R. I.; LUZ, F. J. F. Pimentas do gênero *Capsicum* cultivadas em Roraima, Amazônia brasileira. II. Hábitos e formas de uso. **Acta Amazônica**, v. 37, n. 4, p. 561-568, 2007.
- NEITZKE, R. S. *et al.* Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 1, p. 47-53, 2010.
- OLIVEIRA, T. L. C. *et al.* Geleia da pimenta dedo de moça: avaliação da aceitabilidade e características físicas e químicas. **Nativa**, v. 8, n. 2, p. 351-369, 2019.
- PICKERSGILL, B. Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. **Euphytica**, v. 96, p. 129-133, 1997.
- PESSOA, A. M. S. *et al.* Genetic diversity among accessions of *Capsicum annuum* L. through morphoagronomic characters. **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2018.
- PRIORI, D. *et al.* Caracterização morfológica de variedades crioulas de abóboras (*Cucurbita maxima*) do sul do Brasil. **Revista Ceres**, v. 65, n. 4, p. 337-345, 2018.

R DEVELOPMENT CORE TEAM. **R: a language and environment for statistical computing**. Vienna: R Foundation for Statistical Computing, 2018.

RAO, C. R. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: John Wiley e Sons, 1952. 390p.

RÊGO, E. R. *et al.* A diallel study of yield components and fruit quality in chilli pepper (*Capsicum baccatum*). **Euphytica**, v. 168, p. 275-287, 2009.

RÊGO, E. R. *et al.* Phenotypic diversity, correlation and importance of variables for fruit quality and yield traits in Brazilian peppers (*Capsicum baccatum*). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v. 58, p. 909-918, 2011.

RODRÍGUEZ-BURRUEZO, A. *et al.* Variation for bioactive compounds in aji' (*Capsicum baccatum* L.) and rocoto (*C. pubescens* R. & P.) and implications for breeding. **Euphytica**, v. 170, p. 169-181, 2009.

ROMAN, A. L. *et al.* Uso medicinal da pimenta malagueta (*Capsicum frutescens* L.) em uma comunidade de várzea à margem do rio Amazonas, Santarém, Pará, Brasil. **Ciências Humanas**, v. 6, n. 3, p. 543-557, 2011.

RIBEIRO, C. S. C. *et al.* BRS Tui: a new Biquinho-type pepper cultivar released by Embrapa. **Horticultura Brasileira**, v. 36, n. 4, p. 526-528, 2018.

SÁNCHEZ DE LA VEGA, G. *et al.* Genetic Resources in the "Calabaza Pipiana" Squash (*Cucurbita argyrosperma*) in Mexico: Genetic Diversity, Genetic Differentiation and Distribution Models. **Frontiers in Plant Science**, v. 9, p. 1-18, 2018.

SAVEGNAGO, R. P. *et al.* Estimates of genetic parameters, and cluster and principal components analyses of breeding values related to egg production traits in a White Leghorn population. **Poultry Science**, v. 90, p. 2174-2188, 2011.

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

SILVA, C. Q. *et al.* Heterosis and combining ability for ornamental chili pepper. **Horticultura Brasileira**, v. 35, n. 3, p. 349-357, 2017a.

SILVA, L. B. *et al.* Divergência genética entre acessos de pimentas com base em descritores morfológicos quantitativos. **Caderno de Pesquisa**, v. 29, n. 3, p. 1-8, 2017b.

SILVA, A.R.; MALAFAIA, G.; MENEZES, I.P.P. Biotools: an R function to predict spatial gene diversity via na individual-based approach. **Genetics and Molecular Research**, v. 16, gmr16029655, 2017.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and a Plant Breeding**, v. 41, n. 2, p. 237-245, 1981.

- SOARES, R. S. *et al.* New Brazilian lines of Habanero pepper (*Capsicum chinense*): Morphoagronomic and biochemical characterization in different environments. **Scientia Horticulturae**, v. 261, p. 1-9, 2019.
- SOKAL, R. A.; ROHLF, F. J. The comparison of dendograms by objective methods. **Taxonomy**, v. 11, p. 33-40, 1962.
- SOUSA, R. S. *et al.* Identification of drought-tolerant corn genotypes by multivariate analysis. **Pesquisa Agropecuária Tropical**, v. 48, n. 3, p. 204-211, 2018.
- SUDRÉ, C. P. *et al.* Divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão utilizando técnicas multivariadas. **Horticultura Brasileira**, v. 23, n. 1, p. 22-27, 2005.
- SUDRÉ, C. P. *et al.* Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. **Genetics and Molecular Research**, v. 9, n. 1, p. 283-294, 2010.
- STRECK, E. A. *et al.* Variabilidade fenotípica de genótipos de arroz irrigado via análise multivariada. **Revista Ciência Agronômica**, v. 48, n. 1, p. 101-109, 2017.
- SYUKUR, M. *et al.* Diallel Analysis using Hayman Method to Study Genetic Parameters of Yield Components in Pepper (*Capsicum annuum* L.). **HAYATI Journal of Biosciences**, v. 17, n. 4, p. 183-188, 2010.
- TOBAR-TOSSE, D. E. *et al.* Caracterização de genótipos de soja-hortaliça por análise de componentes principais. **Ciência Rural**, v. 45, n. 7, p. 1214-1219, 2015.
- VASCONCELOS, E. S. *et al.* Método Alternativo para Análise de Agrupamento. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 42, bn. 10, p. 1421-1428, 2007.
- YAN, W.; FRÉGEAU-REID, J. Genotype by Yield\*Trait (GYT) *Biplot*: a novel approach for genotype selection based on multiple traits. **Scientific Reports**, v. 8, n. 8242, p. 1-10, 2018.

#### 4 Bandejamento cromossômico em espécies cultivadas de pimentas *Capsicum* L. (Solanaceae) utilizando fluorocromos CMA<sub>3</sub> e DAPI

##### RESUMO

O gênero *Capsicum*, nativo das Américas, é representado pelas pimentas e pimentões, especiarias e vegetais amplamente valorizados na culinária mundial. Apresenta considerável variação morfológica, sobretudo na cor, forma e tamanho dos frutos. Contudo, a sua diversidade genética é pouco conhecida e explorada comercialmente. Nesse contexto, com o objetivo de estudar o polimorfismo cariotípico no gênero, o presente trabalho realizou uma caracterização em 16 acessos de pimentas *Capsicum* L. cultivadas pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC - UFPI), utilizando os fluorocromos CMA<sub>3</sub> e DAPI. Para isso, pontas de raízes foram coletadas e pré-tratadas com p-diclorobenzeno (0,015g/mL), fixadas em solução Carnoy e estocadas em freezer a -20°C. As lâminas e coloração CMA/DAPI seguiram protocolos previamente estabelecidos na literatura. Todos os acessos avaliados apresentaram número básico  $2n = 24$ , cromossomos de morfologia metacêntrica e submetacêntrica, núcleo interfásico semirreticulado e padrão de condensação profásico proximal *Solanum*-like. O tamanho dos cromossomos variou entre 1,76 µm a 4,80 µm. Os diferentes acessos de *Capsicum* apresentaram extenso polimorfismo de bandas heterocromáticas. Bandas CMA ocorreram predominantemente nas regiões terminais e variaram de altamente e moderadamente repetitiva em relação à composição de guanina-citosina (GC). Bandas DAPI não foram visualizadas. O padrão de marcação com CMA variou de seis bandas BAGC 114 (*C. annum*) a 26 blocos variáveis em BAGC 81 (*C. baccatum* var. *pendulum*). Em todos os acessos, foram identificadas pelo menos duas bandas terminais fortemente coradas (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>) e ligeiramente distendidas em pelo menos um par de cromossomos. Acessos pertencentes às espécies *C. annum* (BAGC 114 e 220) e *C. chinense* (BAGC 120, 123, 242, 249 e 250) destacaram-se por apresentar um pequeno par de bandas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup> intercalares. A maior complexidade de bandas foi observada em *C. baccatum* var. *pendulum*, com 20 blocos CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e seis CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup> no acesso BAGC 81, e 14 bandas CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e 10 CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup> em BAGC 156. A técnica citogenética de bandejamento por fluorocromos CMA<sub>3</sub> e DAPI permitiu uma análise de distribuição de bandas heterocromáticas detalhada nos cariótipos dos acessos de *Capsicum* estudados. A técnica citogenética de bandejamento por fluorocromos CMA/DAPI permitiu uma análise detalhada sobre o cariótipo dos acessos de *Capsicum* pertencentes ao BAGC-UFPI. Observou-se um polimorfismo cariotípico na morfologia, tamanho cromossômico, padrão e distribuição de bandas heterocromáticas em táxons diferentes e dentro de indivíduos da mesma espécie, confirmando variações citológicas intra- e interespecíficas comumente observadas no gênero *Capsicum*. As informações obtidas no presente trabalho contribuíram para uma melhor compreensão acerca do acervo de acessos de *Capsicum* presentes no BAGC-UFPI e podem contribuir, adicionalmente, para trabalhos futuros de melhoramento genético e conservação em banco de germoplasma.

**Palavras-chave:** Heterocromatina constitutiva, diversidade genética, recursos genéticos.

#### 4.1 Introdução

O gênero *Capsicum* é nativo da América Tropical e Subtropical, compreendendo cerca de 41 espécies, sendo cinco domesticadas e cultivadas em todo o mundo. Esse gênero é representado pelas pimentas e pimentões, especiarias e vegetais amplamente valorizados na culinária mundial (CARRIZO GÁRCIA et al., 2016; BARBOZA et al., 2019, 2020).

As cinco espécies cultivadas e domesticadas são: *C. annuum* (pimentão, jalapeño, cayenne, pimenta-vermelha, etc.), *C. chinense* (pimenta-de-cheiro, biquinho, murupi, habareno), *C. frutescens* (malagueta e tabasco), *C. baccatum* (pimenta-dedo-de-moça, chapéu-de-frade.) e a *C. pubescens* (pimenta-canário, rocoto, manzano) (MOREIRA et al., 2006; PESSOA et al., 2018).

Os estudos de caracterização da diversidade genética são essenciais para avaliar a variabilidade genética e seu potencial uso em programas de melhoramento genético. Diversas metodologias vêm sendo aplicadas na exploração da divergência genética em acessos de germoplasma, tais como avaliação fenotípica, bioquímica, molecular e citogenética (BENTO et al., 2007; NEITZKE et al., 2010; ROMERO-DA-CRUZ et al., 2015; GUZMÁN et al., 2019; ASSIS et al., 2020; BIANCHI et al., 2020).

A caracterização citogenética é uma eficiente metodologia que permite obter informações sobre as variações citológicas de *Capsicum*, possibilitando o planejamento e a execução de estratégias adequadas ao melhoramento genético e a conservação do gênero (MOSCONE et al., 1990; 2007; Scaldaferrro et al., 2013; 2016).

Estudos citogenéticos utilizando diferentes abordagens têm provido importantes informações sobre a diversidade inter e intraespecífica de *Capsicum*, contribuindo significativamente sobre a sistemática, genética, evolução e melhoramento genético de *Capsicum* (MOSCONE et al., 1990; 1993; 1996; 2007; SCALDAFERRO et al. 2006; 2013; 2016; ZHOU, MARTINS et al., 2018; WAMINAL; KIM, 2019).

De acordo com o número básico de cromossomos, *Capsicum* pode-se distinguir dois grupos:  $n = 12$  e  $n = 13$ . As espécies com  $2n = 2x = 24$  possuem, comparativamente, cariótipos simétricos. É o grupo com mais representantes do gênero, com destaque para as espécies domesticadas *C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. baccatum* e *C. pubescens*. O número cromossômico  $n = 12$  é considerado como o estado ancestral de *Capsicum*. O grupo com  $2n = 2x = 26$  é, por

sua vez, constituído por espécies silvestres da América do Sul, exibindo fórmulas cariotípicas assimétricas. O conjunto básico  $n=13$  evoluiu duas vezes, independentemente, no gênero (MOSCONE et al., 2007; CARRIZO GARCÍA et al., 2016).

O bandeamento com fluorocromos CMA (cromomicina A<sub>3</sub>) e DAPI (4'-6-diamidino-2-fenilindol) é uma técnica comumente utilizada em estudos citogenéticos para avaliar a composição e a distribuição da heterocromatina constitutiva no cariótipo de determinada espécie ou grupo. O corante CMA liga-se preferencialmente a regiões ricas em bases guanina-citosina (GC), enquanto o DAPI marca regiões cromossômicas ricas em adenina-timina (AT) (SCHWEIZER, 1976, 1977; GUERRA, 2000).

A coloração com fluorocromos CMA/DAPI permitiu a identificação de quatro tipos de heterocromatina constitutiva em *Capsicum*: (1) heterocromatina altamente rica em GC e reduzida em AT (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>); (2) heterocromatina altamente rica em AT e reduzida em GC (CMA<sup>-</sup>/DAPI<sup>++</sup>); (3) heterocromatina moderadamente rica em GC e neutra em AT (CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>); (4) heterocromatina moderadamente rica em GC e moderadamente rica em AT (CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>+</sup>) (MOSCONE et al., 2007; SCALDAFERRO et al., 2013; BARBOZA et al., 2019).

Conforme esse bandeamento cromossômico, as bandas heterocromáticas em *Capsicum* são, em sua maioria, terminais com algumas bandas subterminais, exceto em *C. flexuosum* e *C. campylopodium*, que apresentam bandas intercalares. Por vezes, a heterocromatina centromérica é visualizada como fracos pontos de marcação CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup> em alguns táxons cultivados (MOSCONE et al. 2007).

Em razão da importância desse gênero, o presente trabalho analisou o polimorfismo cariotípico de número e morfologia, padrão de distribuição das bandas de heterocromatina por meio do bandeamento de fluorocromos CMA/DAPI bem como os tipos de cromatina em 16 acessos de *Capsicum* pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI), a fim de ratificar a diversidade citológica na coleção estudada.

## **4.2. Materiais e Métodos**

### **4.2.1 Seleção de acessos**

Para a realização desse trabalho, foram caracterizados citogeneticamente 16 acessos de pimentas cultivadas pertencentes às espécies *C. annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense* e *C. frutescens* provenientes do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI) (Tabela 9). Os acessos foram selecionados de acordo com sua procedência, sendo provenientes de quatro regiões brasileiras (Nordeste, Sudeste, Centro-Oeste e Sul).

**Tabela 9.** Acessos de pimentas pertencentes ao Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (BAGC-UFPI).

Nº de Identificação	Nome Popular	Nome Científico	Proveniência
BAGC 81	Pimenta dedo-de-moça	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Brasília - DF
BAGC 91	Pimenta-de-cheiro (ardida)	<i>C. chinense</i>	Palmerais - PI
BAGC 114	Jalapeño mexicana	<i>C. annuum</i>	Belo Horizonte - MG
BAGC 117	Malagueta preta	<i>C. frutescens</i>	Belo Horizonte - MG
BAGC 120	Pimenta bunda-de-velho	<i>C. chinense</i>	Brasília - DF
BAGC 123	Pimenta bode-amarela	<i>C. chinense</i>	Brasília - DF
BAGC 156	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Jussara - GO
BAGC 157	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Inhumas - GO
BAGC 160	Não identificada	<i>C. chinense</i>	Cáceres - MT
BAGC 178	Não identificada	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Rio Grande - RS
BAGC 208	Pimenta pitanga	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	Montes Claro - MG
BAGC 220	Pimenta-Vermelha	<i>C. var. annuum</i>	Areia - PB
BAGC 242	Pimenta de-cheiro-laranja	<i>C. chinense</i>	Ibiapina - CE
BAGC 249	Pimenta japonesa	<i>C. chinense</i>	Salvador - BA
BAGC 250	Pimenta-de-cheiro	<i>C. chinense</i>	Salvador - BA
BAGC 252	Pimenta-de-cheiro	<i>C. chinense</i>	Salvador - BA

**Fonte:** Livro de registro de acessos de pimentas *Capsicum* do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* da Universidade Federal do Piauí (2020).

#### 4.2.2 Obtenção das raízes, pré-tratamento e fixação das células

Todas as etapas do experimento foram realizadas no Laboratório de Citogenética Vegetal, Departamento de Biologia da Universidade Federal do Piauí (UFPI), Teresina-Piauí. As sementes de *Capsicum* foram primeiramente lavadas

com hipoclorito de sódio a 4%, por 10 segundos, a fim de evitar a proliferação de fungos durante o processo de germinação. Após essa etapa, as sementes foram postas para germinar em placas de Petri, sobre papel filtro esterilizado e umedecido diariamente com água destilada.

Ao atingirem cerca de 1 cm (centímetro), as radículas foram coletadas e pré-tratadas em solução de p-diclorobenzeno (0,015g/mL) por 2 horas e 30 minutos, à temperatura ambiente. Em seguida, foram fixadas em solução Carnoy (etanol absoluto e ácido acético glacial na proporção de 3:1 v/v), durante 24 horas à temperatura ambiente e, posteriormente, estocadas em freezer à -20°C.

#### **4.2.3 Bandeamento com Fluorocromos CMA e DAPI**

As lâminas foram feitas de acordo com o protocolo de Carvalho e Saraiva (1993), com pequenas modificações. As raízes, anteriormente estocadas no fixador, foram submetidas a duas lavagens com água destilada. Em seguida, a região meristemática foi destacada do restante da raiz e tratada com 10 µL de solução enzimática celulase 2% (Onozuka) e pectinase 20% (Sigma), durante 4 horas, em uma estufa a 37°C. Após isso, o excesso de enzima foi retirado e as raízes foram lavadas novamente com uma gota de água destilada, por cinco minutos. Após retirar o excesso de água com um papel filtro, a lâmina foi posicionada de forma inclinada e lavada ligeiramente com fixador gelado (metanol e ácido acético, 3:1) e as raízes rapidamente espalhadas pela superfície da lâmina. Com a ajuda de uma bomba de ar, a lâmina foi seca e mergulhada em ácido acético 45%, por 12 segundos.

A coloração com fluorocromos seguiu o protocolo já descrito por Schweizer e Ambros (1994). A pré-seleção foi feita utilizando 10 µL de DAPI (0,2mg/mL). As melhores lâminas foram descoradas e deixadas à temperatura ambiente por 3 dias. As lâminas foram coradas definitivamente com 10 µL de CMA (0,1mg/mL) e mantidas em uma caixa escura por uma hora. Em seguida, foram retiradas as lamínulas com jatos de água destilada e as lâminas foram secas com uma bomba de ar. Posteriormente, foram adicionados 10 µL de DAPI (0,2mg/mL), durante meia hora e, em seguida, as lâminas foram lavadas, secas e montadas com tampão McIlvaine- glicerol (1:1 v/v).

#### 4.2.4 Fotodocumentação e Morfometria

Os resultados obtidos foram fotografados por câmera digital Leica DF7000GT acoplada ao microscópio de epifluorescência Leica DM4B, no Departamento de Biologia da UFPI. As imagens obtidas foram alteradas apenas em brilho e contraste, com o auxílio do programa *Adobe Photoshop CC 2018*.

Para a morfometria, foram mensuradas cinco metáfases de cada acesso, como previamente sugerido por Guerra (2002), utilizando o programa *Micromasure 3.5*. Com o tamanho dos cromossomos determinados, foram gerados cariotípicos, como: intervalo do tamanho cromossômico (ITC), razão entre os braços longo e curto de cada par cromossômico ( $r$ ), fórmula cariotípica (FC), comprimento total cromossômico (CTC), comprimento médio cromossômico (CMC) e comprimento total do lote haploide (CTLH).

O tamanho dos blocos de heterocromatina constitutiva (HC) também foi calculado usando o programa *Micromasure 3.5*. Para identificar a porcentagem presente em cada acesso, foi comparado o tamanho total dos blocos heterocromáticos ao tamanho total do conjunto cromossômico, de acordo com Fonsêca et al. (2010). Os idiogramas evidenciando o número, a morfologia cromossômica e a distribuição dos blocos de heterocromatina constitutiva foram construídos por meio do programa *Corel DRAW 2017*.

#### 4.3. Resultados e Discussão

Todos os acessos avaliados apresentaram número básico  $2n = 24$  cromossomos de morfologia metacêntrica e submetacêntrica (Tabela 10). O padrão de condensação profásico (CP), parâmetro utilizado para descrever o tempo de condensação de cada região do cromossomo foi do tipo *Solanum*, ou seja, cromatina proximal de condensação precoce (fortemente corada) e cromatina terminal de condensação tardia com regiões mais descompactadas (fracamente corada) (Figura 9,  $k^1-k^3$ ) (FEITOZA; COSTA; GUERRA, 2017; MARTINS et al., 2018).

Esse padrão é comum em espécies de plantas que apresentam baixo conteúdo de DNA e cromossomos geralmente pequenos, sendo observado em outras solanáceas tais como, tomate, batata, e também em vegetais, como as

orquídeas e feijões (PIJNACKER; FERWERDA, 1984; BRASILEIRO-VIDAL et al., 2009; FELIX; GUERRA, 2010).

O padrão de condensação profásico está normalmente relacionado à organização da cromatina observada na intérfase. Assim, o padrão de condensação observado também está relacionado ao núcleo interfásico do tipo semirreticulado (Figura 8, f<sup>1</sup>-f<sup>3</sup>), com cromocentros simples ou ocasionalmente fundidos. Na literatura, existe uma correlação similar, embora com algumas exceções (FEITOZA; COSTA; GUERRA, 2017), entre espécies com baixo conteúdo de DNA nuclear, cromossomos de pequeno a médio tamanho e núcleo interfásico semirreticulado (GUERRA, 1987).

O intervalo cromossômico (ITC) dos acessos variou de 1,76 µm, em *C. annuum* (BAGC 220), a 4,80 µm em *C. chinense* (BAGC 123), enquanto o comprimento total cromossômico (CTC) variou de 57,61 µm, em *C. frutescens*, (BAGC 117) a 78,46 µm em *C. chinense* (BAGC 123) (Tabela 10). Sousa et al. (2011), ao analisarem acessos de *C. chinense* provenientes de diferentes regiões do Brasil, verificaram que o ITC variou de 2,59 µm a 4,12 µm, enquanto o CTC distinguiu de 82,40 - 84,18 µm.

Sousa et al. (2015), estudando 12 acessos de *Capsicum* pertencentes a diferentes estados do Brasil, verificaram variação de ITC de 3,29 µm, em *C. chinense*, a 7,48 µm em *C. baccatum*. Também foi observada divergência entre CTC, variando de 105,96 - 144,44 µm, ambos os valores pertencentes a *C. frutescens*. Já Martins et al. (2018) caracterizaram 13 acessos de pimentas pertencentes a diferentes estados do nordeste brasileiro e relataram que o tamanho médio dos cromossomos variou de 1,96 µm a 5,94 µm. Por sua vez, o CTC oscilou entre 66,55 µm a 117,56 µm. Estudos similares com cromossomos em estado de metáfase mostraram um grande polimorfismo cariotípico quanto à morfologia e tamanho médio cromossômico em diferentes espécies do gênero (GUERRA, 2001; HAQUE; PAUL; GHOSH, 2016).

O tamanho cromossômico é um importante parâmetro, dado que permite distinguir amostras, indivíduos, populações ou espécies, além de ser um indicador, mesmo que indireto, da quantidade total de DNA. Contudo, sofre influência do método de pré-tratamento e grau de condensação da cromatina, não sendo considerado um método assertivo para esse tipo de análise (SHE et al., 2014; CHIARINI; SAZATORNIL; BERNADELLO, 2018).

Os acessos analisados apresentaram três fórmulas cariotípicas: sete acessos (BAGC 81, 1117, 120, 123, 178, 208 e 220) exibiram fórmula  $11M + 1SM$ , enquanto que seis amostras (BAGC 114, 160, 242, 249, 250, 252) revelaram cariótipo  $12M$ . Apenas três exemplares (BAGC 91, 156 e 157) apresentaram conjunto cromossômico  $10M + 2SM$  (Tabela 10), indicando a presença de citótipos ou raças cromossômicas nos acessos de *Capsicum* do BAGC-UFPI, fato corroborado por trabalhos prévios que também demonstraram a presença de diferentes citótipos em *Capsicum* (SOUSA et al., 2015; MARTINS et al., 2018).

As espécies de *Capsicum* com  $2n = 24$ , normalmente apresentam fórmula cariotípica  $11M + 1ST$ , sendo  $11M + 1SM$  também bastante comum (SCALDAFERRO; MOSCONE, 2019). Contudo, vários trabalhos descreveram diferentes fórmulas cariotípicas. Moscone et al. (1993), por meio de bandeamento-C, reportou  $10M + 1SM + 1ST$  para três espécies (*C. annum*, *C. baccatum* e *C. pubescens*) domesticadas de provenientes da Argentina e Bolívia. Rohami et al. (2010), utilizando coloração convencional, analisaram 10 genótipos de *C. annum* e relataram a presença de dois cariótipos ( $10M + 2SM$  e  $11M + 1SM$ ).

Já Sousa et al. (2015), por meio de coloração com Giemsa, caracterizaram acessos de diferentes regiões do Brasil, sendo observado polimorfismo cromossômico representado por dois conjuntos diploides de  $12M$  e  $11M + 1SM$ . Variações cariomorfológicas como comprimento e fórmula cariotípica, número e posição de regiões organizadoras de nucléolos (NORs), tipo, quantidade e distribuição de padrões de heterocromatina constitutiva (HC) em indivíduos da mesma espécie são frequentes em *Capsicum*, denominadas de citótipos ou raças cromossômicas (MOSCONE et al., 1993; 2007).

As transições de fórmulas cariotípicas presentes em um táxon podem, às vezes, ser interpretadas como evidências de rearranjos. Nesse sentido, fórmulas com cromossomos submetacêntricos (subtelocêntricos) ou telocêntricos podem ser resultantes de deleções ou duplicações de todo ou parte de um braço. Evidências sugerem que as mudanças evolutivas devido a rearranjos cromossômicos resultam em um novo padrão de cariótipo, sendo necessárias técnicas moleculares mais avançadas para confirmar esses rearranjos (CHIARINI; SAZATORNIL; BERNADELLO, 2018).

A dupla coloração com fluorocromos (CMA/DAPI) permitiu obter informações sobre o padrão e a composição da heterocromatina constitutiva (HC) encontrada nos

acessos analisados (Tabela 10, Figuras 8, 9 e 10). As bandas CMA revelaram a existência de regiões de heterocromatina altamente e moderadamente rica em guanina-citosina (GC), enquanto a marcação de região heterocromática rica ou moderadamente composta por adenina-timina (AT) foi ausente (Figuras 8, 9 e 10).

A marcação com CMA não foi uniforme para todos os acessos sendo, assim, formadas duas categorias citológicas de acordo com o tamanho e a intensidade emitida pelas bandas: heterocromatina altamente rica em GC e reduzida em AT (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>); heterocromatina moderadamente rica em GC e neutra em AT (CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>) (Figuras 8, 9 e 10). Esse padrão de marcação é comumente encontrado em espécies domesticadas de *Capsicum* (MOSCONE et al. 1996, 2007; SCALDAFERRO et al., 2013).

Silva (2018), utilizando a dupla coloração CMA/DAPI, analisou o tipo e a distribuição de heterocromatina em genótipos de *Capsicum* do BAGC-UFPI provenientes de cinco estados do Nordeste brasileiro. Nesse trabalho, também foi observada a presença de dois tipos de heterocromatina constitutiva (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>), assim como um polimorfismo no padrão de bandas ricas em GC.

Os cromossomos foram representados esquematicamente na forma de idiogramas, para um maior entendimento do padrão de distribuição de bandas CMA e DAPI, bem como para representar a forma, o número haploide e tamanho cromossômico (Figura 11).

Em todos os acessos, foram identificadas pelo menos duas bandas terminais fortemente coradas e ligeiramente distendidas em pelo menos um par de cromossomos, um indicativo de região rica em GC (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>) provavelmente correspondente a sítios que flanqueiam regiões organizadoras de nucléolos (RONs). A presença de um par de blocos heterocromático terminal fortemente marcado com CMA é comumente reportado em *Capsicum* (MOSCONE et al., 1996; MARTINS et al., 2018; SILVA, 2018). No gênero *Capsicum*, há o predomínio universal de heterocromatina rica em GC. Além disso, as RONs estão associadas à heterocromatina constitutiva rica em GC presente nas regiões terminais dos cromossomos (MARTINS et al., 2018).

**Tabela 10.** Número cromossômico diploide (2n), intervalo do tamanho cromossômico (ITC), média da razão entre os braços do cromossomo (r), fórmula cariotípica (FC), comprimento total cromossômico (CTC), comprimento médio cromossômico (CMC), comprimento total do lote haploide (CTLH) e número de bandas CMA/DAPI (CMA<sub>3</sub>/DAPI) de acessos de pimentas *Capsicum* pertencentes ao BAGC-UFPI. CMA<sup>++</sup> representam bandas CMA mais fortemente coradas e bandas CMA<sup>+</sup>, bandas CMA fracamente coradas. DAPI<sup>0</sup> representa banda AT neutra e DAPI<sup>-</sup>, banda AT reduzida. (continua).

Acesso	Nome científico	2n	ITC (μm)	r	FC	CTC (μm)	CMC (μm)	CTLH (μm)	CMA <sub>3</sub> /DAPI
BAGC 81	<i>C. baccatum</i> var. pendulum	24	2,17-3,14	1,28	11M+1SM	63,86	2,67	31,93	20 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 91	<i>C. chinense</i>	24	1,95-2,94	1,26	10M+2SM	58,33	2,44	29,16	14 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 114	<i>C. annuum</i> var. annuum	24	2,07-3,65	1,13	12M	68,52	2,86	34,26	2 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 117	<i>C. frutescens</i>	24	2,05-3,17	1,33	11M+1SM	57,61	2,6	28,80	10 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 2 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 120	<i>C. chinense</i>	24	2,10-2,93	1,26	11M+1SM	61,10	2,55	30,55	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 4 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 123	<i>C. chinense</i>	24	3,52-4,80	1,24	11M+1SM	78,46	3,97	39,23	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 156	<i>C. baccatum</i> var. pendulum	24	2,01-3,01	1,30	10M+2SM	61,54	2,56	30,77	14 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 10 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 157	<i>C. baccatum</i> var. pendulum	24	2,0-3,21	1,34	10M+2SM	61,20	2,55	30,60	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 160	<i>C. chinense</i>	24	2,03-3,28	1,33	12M	65,07	2,72	32,53	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 14 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>0</sup>

**Tabela 10.** Número cromossômico diploide (2n), intervalo do tamanho cromossômico (ITC), média da razão entre os braços do cromossomo (r), fórmula cariotípica (FC), comprimento total cromossômico (CTC), comprimento médio cromossômico (CMC), comprimento total do lote haploide (CTLH) e número de bandas CMA/DAPI (CMA<sub>3</sub>/DAPI) de acessos de pimentas *Capsicum* pertencentes ao BAGC-UFPI. CMA<sup>++</sup> representam bandas CMA mais fortemente coradas e bandas CMA<sup>+</sup>, bandas CMA fracamente coradas. DAPI<sup>0</sup> representa banda AT neutra e DAPI<sup>-</sup>, banda AT reduzida. (conclusão).

Acesso	Nome científico	2n	ITC (μm)	r	FC	CTC (μm)	CMC (μm)	CTLH (μm)	CMA <sub>3</sub> /DAPI
BAGC 178	<i>C. baccatum</i> var. pendulum	24	2,11-3,42	1,33	11M+1SM	66,36	2,76	33,18	12 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 208	<i>C. baccatum</i> var. pendulum	24	2,26-3,62	1,29	11M+1SM	69,20	2,88	34,60	10 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 220	<i>C. annuum</i> var. annuum	24	1,76-3,86	1,24	11M + 1SM	71,54	2,98	35,77	4 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 242	<i>C. chinense</i>	24	2,59-4,08	1,25	12M	77,03	3,21	38,51	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 8 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 249	<i>C. chinense</i>	24	2,32-3,45	1,25	12M	67,46	2,81	33,73	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup>
BAGC 250	<i>C. chinense</i>	24	2,46-3,61	1,26	12M	70,16	2,92	35,08	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>
BAGC 252	<i>C. chinense</i>	24	2,10-2,87	1,24	12M	58,20	2,43	29,10	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> 2 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>

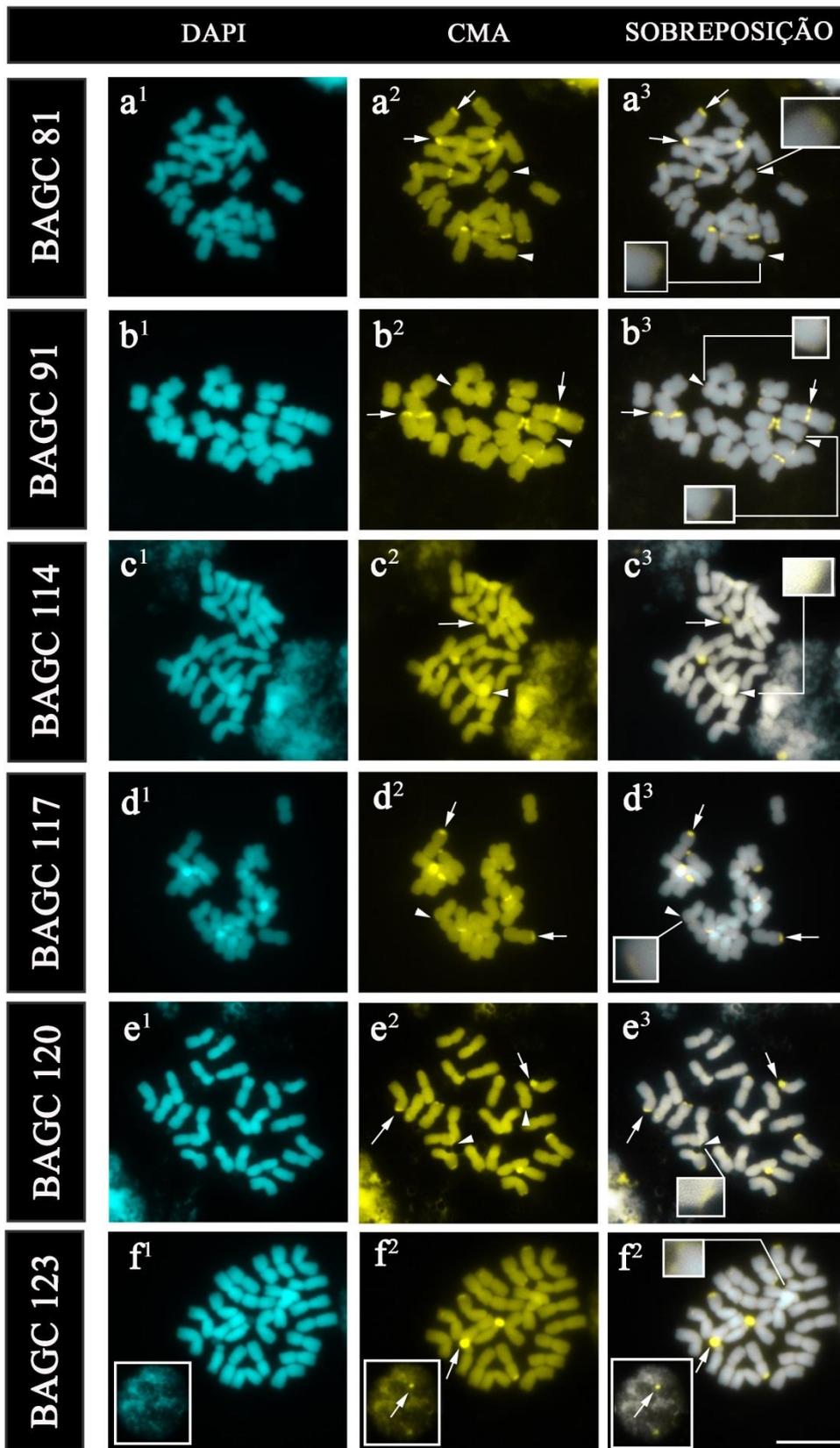
Observou-se polimorfismo no padrão de bandas heterocromáticas ricas em GC. O acesso BAGC 114 (Figura 8), pertencente à espécie *C. annuum* var. *annuum* e conhecido popularmente como “jalapeño mexicana”, foi o acesso que apresentou o menor número de bandas (seis bandas), sendo um pequeno par de bandas terminais CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>, um par de bandas maiores terminais altamente ricas em CG (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>) e um pequeno par de bandas intercalares (CMA<sup>+</sup>DAPI<sup>0</sup>). Resultados similares foram obtidos por Moscone et al. (1996), que destacaram que esse táxon apresenta uma baixa quantidade de heterocromatina e padrões mais simples de bandas.

O acesso BAGC 117, conhecido popularmente como “malagueta preta” (*C. frutescens*), apresentou 12 bandas CMA (Figura 8), sendo cinco pares CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e um par CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>. Esse resultado foi divergente de Moscone et al. (1996) que, utilizando a mesma técnica, encontraram 18 bandas ricas em GC. Em *Capsicum*, é comum à variação cariotípica entre populações da mesma espécie, principalmente acerca do DNA satélite (PICKERSGILL, 1977; SCALDAFERRO et al., 2016).

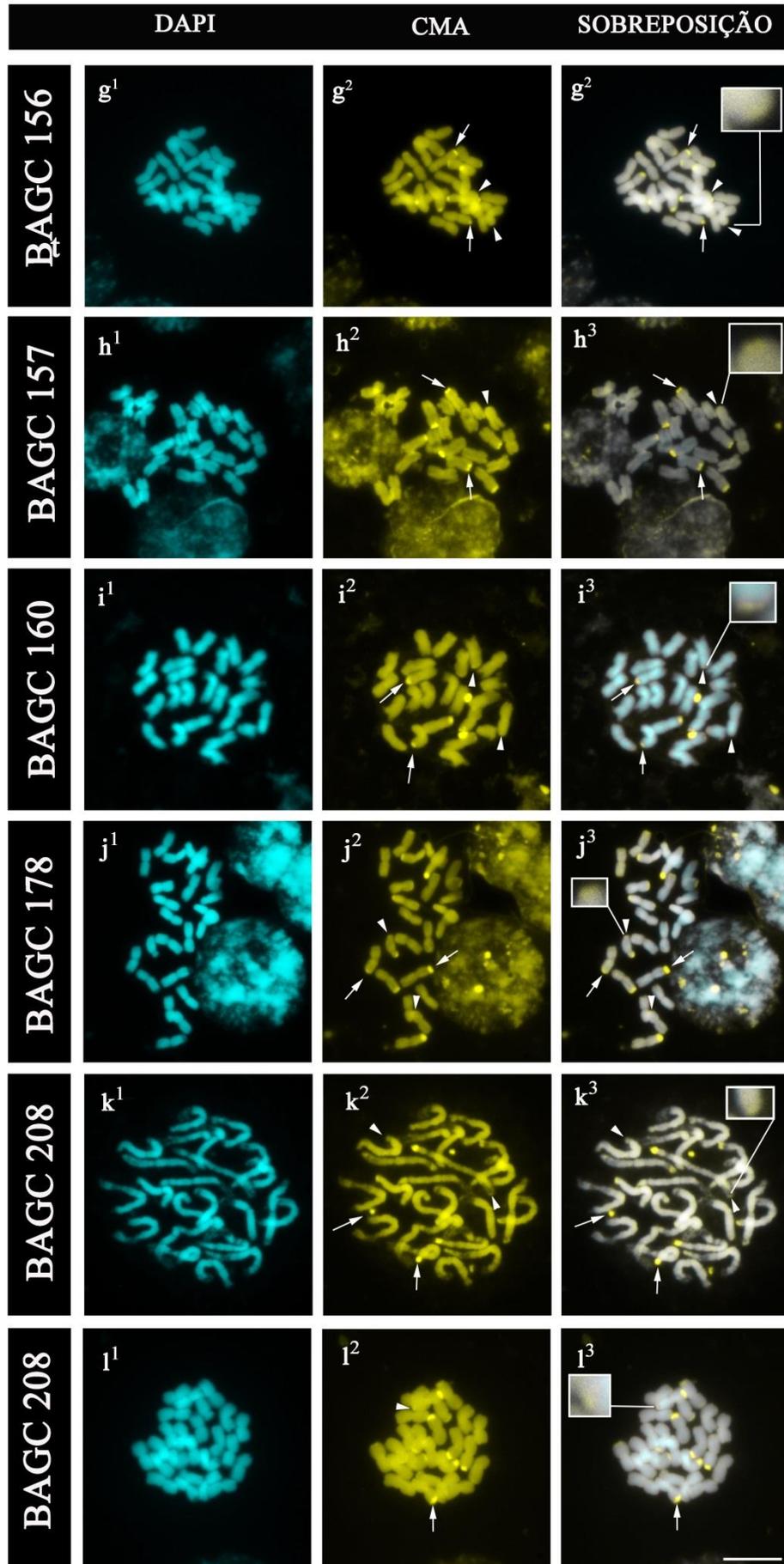
Os acessos pertencentes às espécies *C. annuum* (BAGC 114 e 220) e *C. chinense* (BAGC 120, 123, 242, 249 e 250) destacaram-se por apresentar um pequeno par de bandas intercalares moderadamente ricas em GC (CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>).

De acordo com um recente estudo filogenético realizado por Carrizo García et al. (2016), as espécies domesticadas *C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens* e a silvestre *C. galapagoense* constituem o Clado *Annuum*, anteriormente conhecido como “grupo de flores brancas”. Essas espécies são intimamente relacionadas de acordo com suas características cariotípicas, normalmente com cariótipos relativamente pequenos (baixo conteúdo de DNA), um a quatro pares de NORs ativas, heterocromatina rica em GC, com baixa quantidade por conjunto cromossômico, padrões simples de bandas heterocromáticas distribuídas, principalmente, nas regiões terminais cromossômicas (MOSCONE et al., 1993; 1996; 2007) .

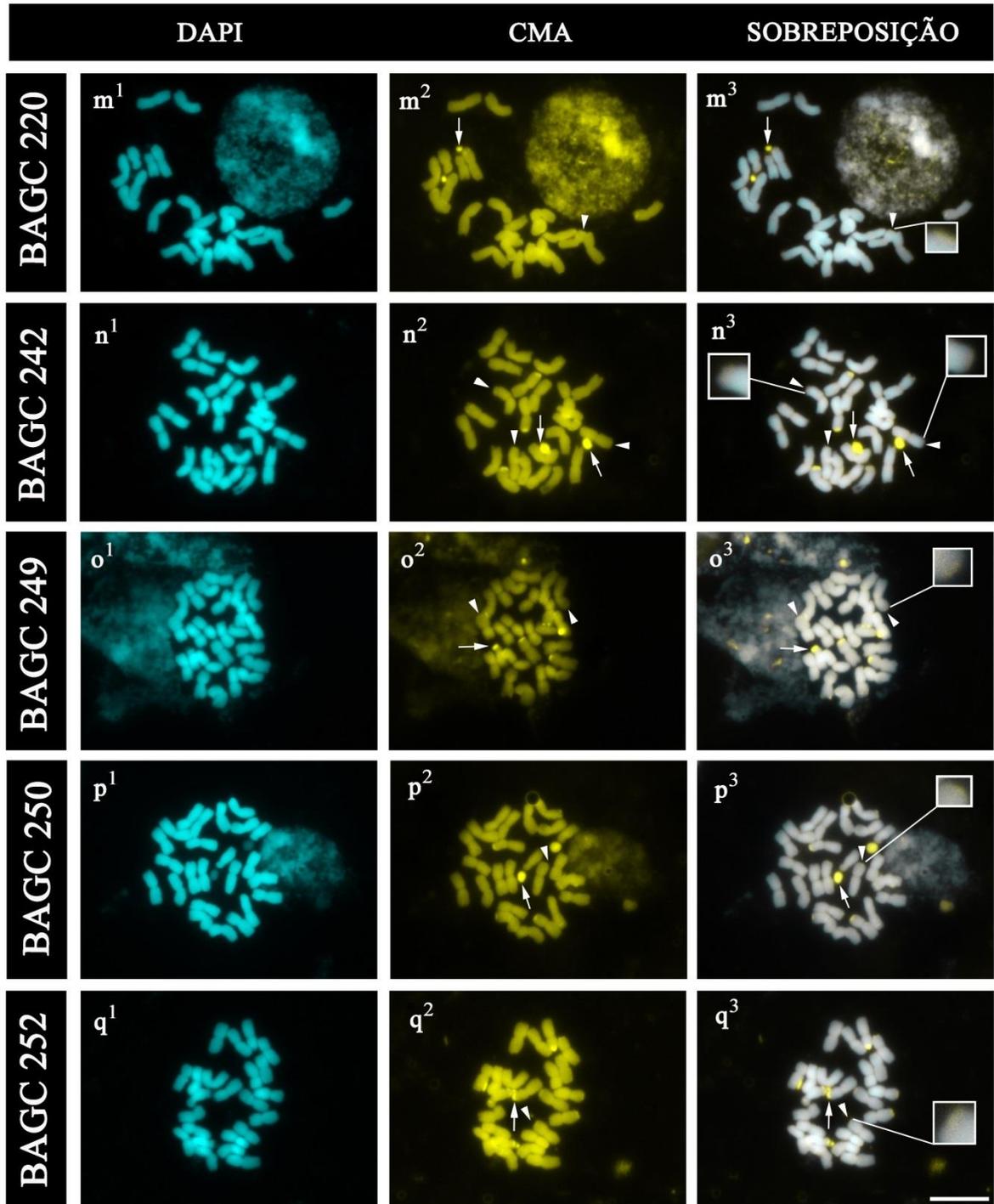
Os acessos representantes de *C. chinense* (BAGC 91, 120, 123, 160, 242, 249, 250 e 252) apresentaram uma alta variabilidade em número, tamanho e distribuição e composição de blocos de heterocromatina. Os acessos BAGC 123, 250 e 252 (Figuras 8 e 10) exibiram o menor número de bandas, sendo oito compostas de CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>, duas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup> em BAGC 252, seis CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e quatro CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup> em BAGC 123 e 250, respectivamente.



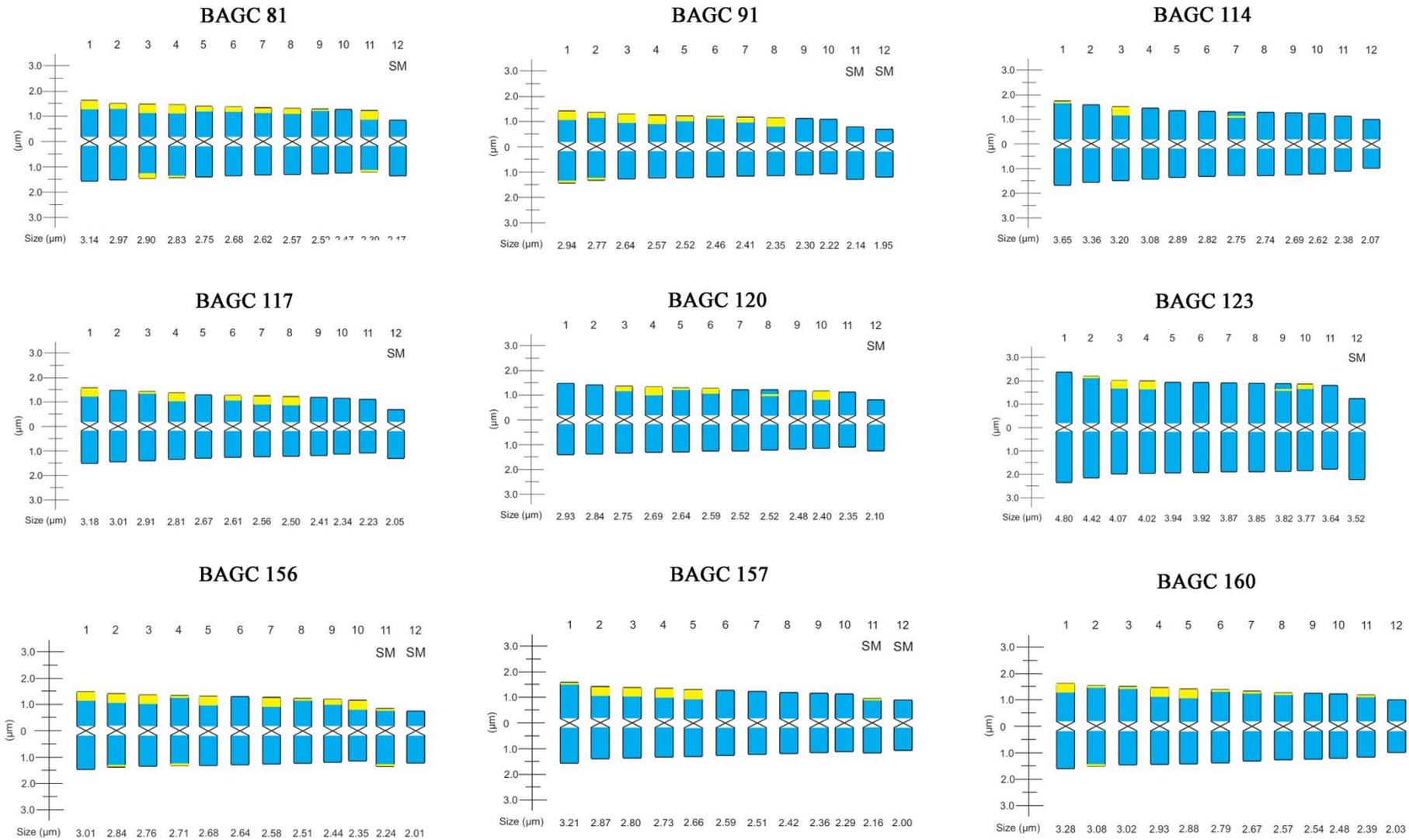
**Figura 8.** Dupla coloração CMA/DAPI em acessos de *Capsicum* spp. Setas indicam blocos de CMA<sup>++</sup>. Cabeças de setas indicam pequenos blocos de CMA<sup>+</sup> de difícil visualização, sendo amplificados em todos os insertos. Em azul (DAPI) e em amarelo (CMA). Barra indica 10µm. Fonte: Autor.



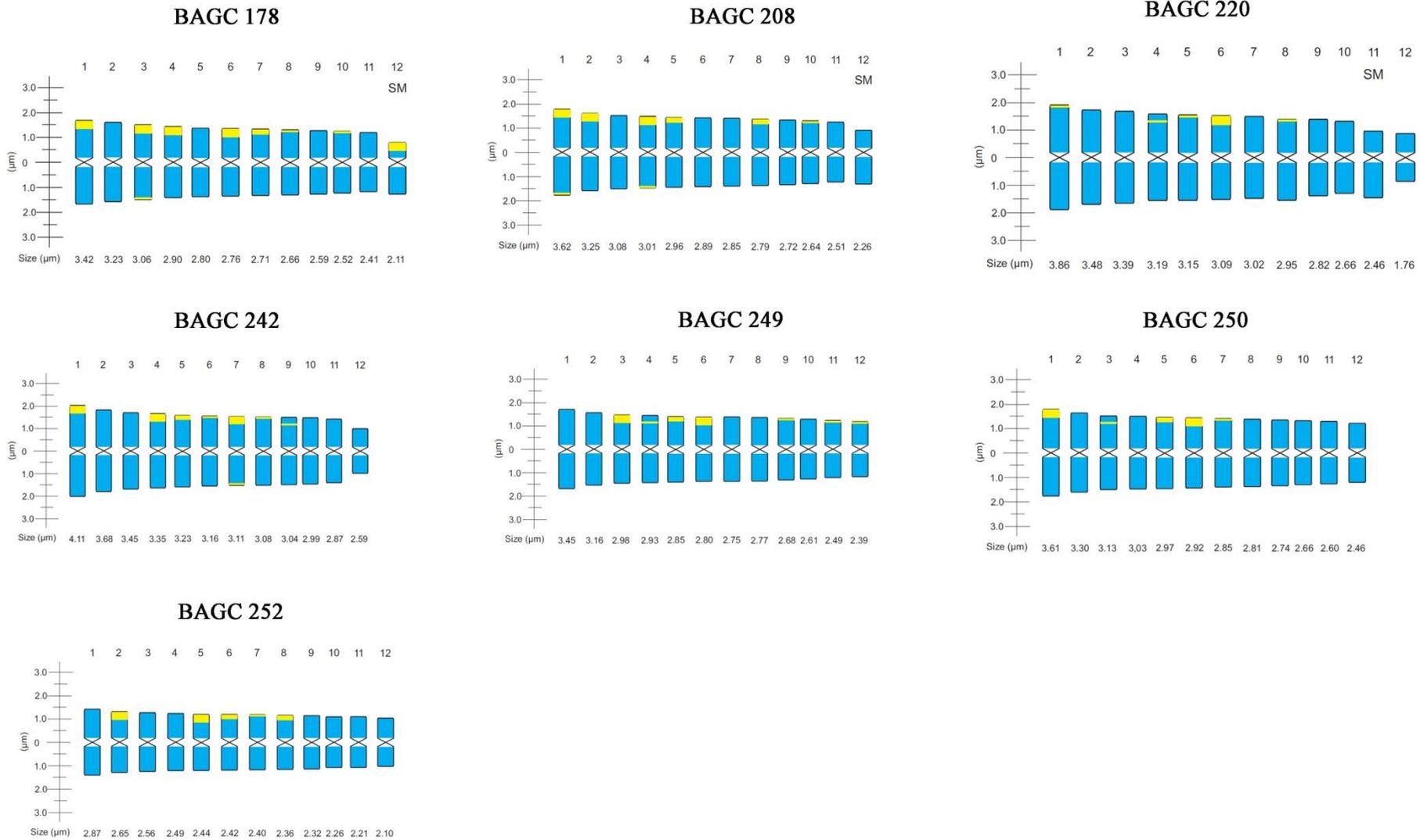
**Figura 9.** Dupla coloração CMA/DAPI em acessos de *Capsicum* spp. Setas indicam blocos de CMA<sup>++</sup>. Cabeças de setas indicam pequenos blocos de CMA<sup>+</sup> de difícil visualização, sendo amplificados em todos os insertos. Em azul (DAPI) e em amarelo (CMA). Barra indica 10  $\mu$ m. Fonte: Autor.



**Figura 10.** Dupla coloração CMA/DAPI em acessos de *Capsicum* spp. Setas indicam blocos de CMA<sup>++</sup>. Cabeças de setas indicam pequenos blocos de CMA<sup>+</sup> de difícil visualização, sendo amplificados em todos os insertos. Em azul (DAPI) e em amarelo (CMA). Barra indica 10µm. Fonte: Autor.



**Figura 11.** Idiogramas representando o tamanho, morfologia e distribuição de bandas CMA nos cromossomos dos acessos de pimentas *Capsicum* pertencentes ao BAGC – UFPI.



**Figura 11 – continuação.** Idiogramas representando o tamanho, morfologia e distribuição de bandas CMA nos cromossomos dos acessos de pimentas *Capsicum* pertencentes ao BAGC – UFPI.

Os acessos BAGC 91 e 160 (Figuras 8 e 9) distinguiram-se dos demais por apresentar 20 bandas GC, sendo 14 blocos CMA<sup>++</sup> e seis bandas CMA<sup>+</sup>, seis bandas CMA<sup>++</sup> e 14 blocos CMA<sup>+</sup>, respectivamente. A heterocromatina constitutiva (HC) não é homogênea, variando quanti e qualitativamente entre e dentro espécies. Dentro do mesmo táxon, é frequente que os blocos heterocromáticos variem em número, tamanho, distribuição e composição (GUERRA, 2000; ROA; GUERRA, 2015; SAMOLUK et al., 2019).

Silva (2018), usando a coloração CMA/DAPI, também relatou polimorfismo citológico em genótipos de *C. chinense* do BAGC-UFPI. Foi verificada a presença de dois padrões de bandas: heterocromatina altamente rica em GC e reduzida em AT (CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup>), moderadamente rica em GC e reduzida em AT (CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup>), variando de 10 (2 CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e 6 CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup>) a 30 bandas GC (2 CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e 28 CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>-</sup>).

Os acessos de *C. baccatum* var. *pendulum* (BAGC 81, 156, 157, 178 e 208) destacaram-se pelo número e variação de bandas heterocromáticas. O acesso BAGC 157 apresentou o menor número de bandas, com oito blocos CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e quatro bandas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>. Contudo, o acesso BAGC 81 destacou-se por apresentar 26 bandas GC, sendo 20 blocos CMA<sup>++</sup>/DAPI<sup>-</sup> e seis bandas CMA<sup>+</sup>/DAPI<sup>0</sup>, maior número de blocos entre as espécies analisadas. Já nos acessos BAGC 208, 178 e 156, foram detectados 16, 18 e 24 blocos GC, respectivamente. Variação em blocos GC em *C. baccatum* também foi relatada por outros autores. Moscone et al. (1996) observou variações entre 24 a 28 blocos heterocromáticos GC, enquanto Martins et al. (2018) reportou entre 10 a 18 bandas CMA.

Ao contrário das outras espécies domesticadas de *Capsicum*, *C. baccatum* distingue-se por um maior comprimento cariotípico (maior quantidade de DNA genômico), maior quantidade de heterocromatina rica em GC e maior complexidade em seu padrão de bandas heterocromáticas (MOSCONE et al., 2007). Apesar de pertencer ao “grupo de flores brancas”, *C. baccatum* está em uma posição separada dentro dessa classificação. Juntamente com *C. chacoense* e *C. praetermissum* (outrora considerada uma variedade de *C. baccatum*), constituem-se o Clado Baccatum (CARRIZO GARCÍA et al., 2016).

A mensuração da heterocromatina constitutiva (HC) por genoma diploide nos acessos de *Capsicum* foi realizada (Tabela 11). Em relação à porcentagem de heterocromatina observada, detectou-se a variação de 3,14% em *C. annuum* var.

*annuum* (BAGC 114) a 8,72% em *C. baccatum* var. *pendulum* (BAGC 81). Em *C. annum* var. *annuum*, a quantidade de HC variou entre 3,14% (BAGC 114) a 4,29% (BAGC 220). Em acessos pertencentes à *C. chinense*, os valores divergiram entre 4,36% (BAGC 120) a 8,53% (BAGC 91). No único acesso de *C. frutescens* (BAGC 117), a heterocromatina constitutiva equivale a 8,57% do genoma total. Em *C. baccatum* var. *pendulum*, a percentagem de HC oscilou entre 5,65% (BAGC 157) a 8,72% (BAGC 81).

**Tabela 11.** Número de bandas CMA/DAPI e percentual de heterocromatina observada nos acessos de *Capsicum* do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* (BAGC) da UFPI. (Continua).

Nº de Identificação	Espécie	Número de bandas CMA/DAPI	Heterocromatina (%)
BAGC 81	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	20 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	8,72
BAGC 91	<i>C. chinense</i>	14 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	8,53
BAGC 114	<i>C. annum</i>	2 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	3,14
BAGC 117	<i>C. frutescens</i>	10 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 2 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	8,57
BAGC 120	<i>C. chinense</i>	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	4,36
BAGC 123	<i>C. chinense</i>	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	4,71
BAGC 156	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	14 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 10 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	8,36
BAGC 157	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	5,65
BAGC 160	<i>C. chinense</i>	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 14 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	7,79
BAGC 178	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	12 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	6,35
BAGC 208	<i>C. baccatum</i> var. <i>pendulum</i>	10 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	6,44
BAGC 220	<i>C. var. annum</i>	4 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 6 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	4,29
BAGC 242	<i>C. chinense</i>	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 8 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	7,70

**Tabela 11.** Número de bandas CMA/DAPI e percentual de heterocromatina observada nos acessos de *Capsicum* L. do Banco Ativo de Germoplasma de *Capsicum* (BAGC) da UFPI. (Conclusão).

Nº de Identificação	Espécie	Número de bandas CMA/DAPI	Heterocromatina (%)
BAGC 249	<i>C. chinense</i>	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 8 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	7,25
BAGC 250	<i>C. chinense</i>	6 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 4 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	5,96
BAGC 252	<i>C. chinense</i>	8 CMA <sup>++</sup> /DAPI <sup>-</sup> e 2 CMA <sup>+</sup> /DAPI <sup>0</sup>	5,77

CMA<sup>++</sup> representa bandas CMA mais fortemente coradas. CMA<sup>+</sup> representa bandas CMA fracamente coradas. DAPI<sup>0</sup> representa banda AT neutra e DAPI<sup>-</sup>, banda AT reduzida.

Moscone et al. (2007) também encontraram valores heterocromáticos diferentes para as espécies *C. annuum* var *annuum* (1,80% a 2,88%), *C. chinense* (3,91% a 5,52%), *C. frutescens* (5,55%) e *C. baccatum* var. *pendulum* (7,30% a 7,56%). Essas diferenças são, provavelmente, provenientes da dinâmica evolutiva das sequências de DNA repetidas em tandem que fazem parte da constituição da heterocromatina constitutiva, desempenhando um importante papel na evolução cariotípica de *Capsicum* (SCALDAFERRO et al., 2013).

Nossos resultados corroboram uma considerável variação no conteúdo de heterocromatina constitutiva dentro e entre as espécies de *Capsicum*, variando de 1,72% a 38,91%, com valor médio de 10,90% (MOSCONE et al. 1996, 2003, 2007; SCALDAFERRO et al., 2013). Na maioria dos táxons analisados, existe uma correlação positiva entre o comprimento do cariótipo e a quantidade de HC, indicando que essa forma de heterocromatina é um componente adicional no genoma de *Capsicum* (MOSCONE et al. 1996, 2003, 2007; SCALDAFERRO et al., 2013, 2016; MARTINS et al., 2018; ASSIS et al., 2020).

Park et al. (2012) analisaram a evolução da heterocromatina constitutiva em *Capsicum*, demonstrando que a expansão genômica em *Capsicum* ocorreu entre 20 a 7,5 milhões de anos, devido a um grande acúmulo de elementos de transposição (TEs), sobretudo *Ty3/Gypsy-like*, pertencente ao grupo de elementos retrotransposição LTR (*Long Terminal Repeats*) e subgrupo *Del*.

A expansão de genomas pelo acúmulo de DNA móvel LTR é bem documentada em plantas (VITTE, BENNETZEN, 2006; BORREDÁ et al., 2019; GAIERO et al., 2019). Esse processo representa um importante mecanismo de

expansão de heterocromatina constitutiva em plantas, sem envolver eventos de duplicação total do genoma. Qin et al. (2014) identificaram que mais de 81% do genoma de *C. annuum* é composto por diferentes classes de DNA transponíveis, valor significativamente maior que os TEs (~61%) em batata (*Solanum tuberosum*) e tomate (*S. lycopersicum*). Recentemente, Kim et al. (2017) demonstraram que o genoma de *C. chinense* e *C. baccatum* são compostos por cerca de 81% e 82% de elementos móveis, respectivamente.

O gênero *Capsicum* é um grupo bastante heterogêneo do ponto de vista fenotípico e citogenético, apresentando uma ampla diversidade na morfologia, número e comprimento cromossômico, constrictões secundárias, DNA satélite e outras características citológicas (MOSCONE et al.; 1990; POZZOBON, SCHIFINO-WITTMANN, BIANCHETTI, 2006; SCALDAFERRO et al., 2006; GRABIELE et al., 2018). O estudo da diversidade genética por diferentes ferramentas (morfológicas, agronômicas, citogenéticas, moleculares) permite, portanto, fornecer dados adicionais acerca da diversidade cariotípica do gênero, bem como orientar atividades de conservação e pesquisas aplicadas na área de melhoramento genético (GRABIELE et al., 2018; COSTA et al. 2019; ASSIS et al., 2020).

#### 4.4 Conclusões

A técnica citogenética de bandeamento por fluorocromos CMA/DAPI permitiu uma análise de distribuição de heterocromatina constitutiva (HC) sobre o cariótipo dos acessos de *Capsicum* pertencentes ao BAGC-UFPI. Observou-se um polimorfismo cariotípico na morfologia, tamanho cromossômico, padrão e distribuição de bandas heterocromáticas entre e dentro espécies. Verificou-se também variação na percentagem de HC (3,14% a 8,72%) por genoma diploide nos acessos de *Capsicum*.

A técnica de CMA/DAPI confirmou a presença de heterocromatina constitutiva rica em GC em todos os acessos de pimentas analisados. Os diferentes acessos de *Capsicum* apresentaram polimorfismo entre si em relação ao padrão de blocos heterocromáticos CMA/DAPI.

As marcações CMA ocorreram predominantemente nas regiões terminais, embora alguns acessos pertencentes às espécies *C. annuum* e *C. chinense*

destacaram-se por apresentar um pequeno par de bandas intercalares moderadamente ricas em GC.

Os acessos BAGC 81 e 156 (ambos *C. baccatum* var. *pendulum*) destacaram-se pelo tamanho e quantidade de bandas heterocromáticas em relação aos demais. Essa espécie é reconhecida pela maior quantidade de heterocromatina rica em GC e maior complexidade em seu padrão de bandas heterocromáticas, anteriormente confirmados por trabalhos do grupo.

As informações obtidas no presente trabalho e contribuirão para uma melhor compreensão acerca do acervo de acessos de *Capsicum* presentes no BAGC-UFPI. Trabalhos com técnicas citomoleculares mais refinadas são, portanto, necessários para obter uma maior compreensão da composição e organização genômica de *Capsicum*.

## Referências

- ASSIS, R. *et al.* Genome relationships and LTR-retrotransposon diversity in three cultivated *Capsicum* L. (Solanaceae) species. **BMC Genomics**, v. 21, n. 237, p. 1-14, 2020.
- BARBOZA, G. E.; BIANCHETTI, L. D. B. Three New Species of *Capsicum* (Solanaceae) and a Key to the Wild Species from Brazil. **Systematic Botany**, v. 30, n. 4, p. 863-871, 2005.
- BARROS e SILVA, A. E.; GUERRA, M. The meaning of DAPI bands observed after C-banding and FISH procedures. **Biotechnic and Histochemistry**, v. 85, n. 2. p. 115-125, 2010.
- BARBOZA, G. E. *et al.* Four new species of *Capsicum* (Solanaceae) from the tropical Andes and an update on the phylogeny of the genus. **PloS one**, v. 14, n. 1, p. 1-26, 2019.
- BARBOZA, G. E.; BIANCHETTI, L. D. B.; STEHMANN, J. R. *Capsicum carassense* (Solanaceae), a news species from the Brazilian Atlantic Forest. **PhytoKeys**, v. 140, p. 125-138, 2020.
- BENTO, C. S. *et al.* Descritores qualitativos e multicategóricos na estimativa da variabilidade fenotípica entre acessos de pimentas. **Scientia Agraria**, v. 8, n. 2, p. 149-156, 2007.
- BIANCHI, P. A. *et al.* Biomorphological characterization of Brazilian *Capsicum chinense* Jacq. Germplasm. **Agronomy**, v. 10, n. 3, p. 1-17, 2020.

BORREDÁ, C. *et al.* Reprogramming of Retrotransposon Activity during Speciation of the Genus Citrus. **Genome Biology and Evolution**, v. 11, n. 12, p. 3478-3495, 2019.

BRASILEIRO-VIDAL, A. C, *et al.* Different chromatin fractions of tomato (*Solanum lycopersicum* L.) and related species. **Micron**, v. 40, n. 8, p. 851-859, 2009.

CARRIZO GARCÍA, C. *et al.* Phylogenetic relationships, diversification and expansion of chili peppers (*Capsicum*, Solanaceae). **Annals of Botany**, v. 118, p. 35-51, 2016.

CARVALHO, C. R.; SARAIVA, L. S. An air drying technique for maize chromosomes without enzymatic maceration. **Biotechnic and Histochemistry**, v. 68, p. 142-145, 1993.

CARVALHO, A. V. *et al.* Genótipos de Pimentas *Capsicum* spp. durante a maturação. **Boletim de pesquisa e desenvolvimento**. Belém, PA: Embrapa Amazônia Oriental, Embrapa. 2014,19p.

CHIARINI, F. *et al.* Chromosomal changes and recent diversification in the Andean genus *Jaborosa* (Solanaceae). **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 183, p. 57-74, 2016.

CHIARINI, F.; SAZATORNIL, F.; BERNADELLO, G. Data reassessment in a phylogenetic context gives insight into chromosome evolution in the giant genus *Solanum* (Solanaceae). **Systematics and Biodiversity**, V. 16, n. 4, p. 397-416, 2018.

COSTA, G. *et al.* Selection of pepper accessions with ornamental potential. **Revista Caatinga**, v. 32, n. 2, p. 566-574, 2019.

FEITOZA, L.; COSTA, L.; GUERRA, M. Condensation patterns of prophase/prometaphase chromosome are correlated with H4K5 histone acetylation and genomic DNA contents in plants. **PLoS ONE**, v. 12, n. 8, p. 1-14, 2017.

FELIX, L. P.; GUERRA, M. Variation in chromosome number and basic number of subfamily Epidendroideae (Orchidaceae). **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 163, n. 2, p. 234-278, 2010.

FONSÊCA, A. *et al.* Cytogenetic map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Chromosome Research**, v. 18, p. 487–502, 2010.

GAIERO, P. *et al.* Comparative analysis of repetitive sequences among species from the potato and the tomato clades. **Annals of Botany**, v. 123, p. 521-532, 2019.

GRABIELE, M. *et al.* Highly GC-rich heterochromatin in chili peppers (*Capsicum*-Solanaceae): A cytogenetic and molecular characterization. **Scientia Horticulturae**, v. 238, p. 391-399, 2018.

GUERRA, M. Cytogenetics of *Rutaceae* IV. Structure and systematic significance of interphase nuclei. **Cytologia**, v. 52, p. 213-222, 1987.

GUERRA, M. Patterns of heterochromatin distribution in plant chromosomes. **Genetics and Molecular Biology**, v. 23, n. 4, p. 1029-1041, 2000.

GUERRA, A. N. Estudos cromossômicos de quatro seleções de *Capsicum chinense* Jacq. **Revista UDO Agrícola**, v. 1, n. 1, p. 34-41, 2001.

GUERRA, M. **Como observar cromossomos: um guia de técnicas em citogenética vegetal, animal e humana**. Ribeirão Preto: FUNPEC, 201p., 2002.

GUZMÁN, F. A. *et al.* Microsatellites to enhance characterization, conservation and breeding value of *Capsicum* germplasm. *Genetic Resources and Crop Evolution*, v. 67, p. 569-585, 2019.

HAQUE, S. M.; PAUL, S.; GHOSH. Karyological studies of two hot chilli pepper cultivars from two different geographical regions of India: Bhut jolokia, *Capsicum chinense* Jacq. and Bullet Lanka, *Capsicum annuum* L. **Nucleus**, v. 59, p. 1-7, 2016.

KIM, S. *et al.* New reference genome sequences of hot pepper reveal the massive evolution of plant disease-resistance genes by retroduplication. **Genome biology**, v. 18, n. 210, p. 1-11, 2017.

MARTINS, L. V. *et al.* Heterochromatin distribution and histone modification patterns of H4K5 acetylation and phosphorylation in *Capsicum* L. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 18, p. 161-168, 2018.

MELO, C. A. F. *et al.* Karyotype analysis for diploid and polyploid species of the *Solanum* L. **Plant Systematics and Evolution**, v. 293, p. 227-235, 2010.

MIGUEL, V.; ACOSTA, M. C.; MOSCONE, E. A. Karyotype analysis in two species of *Solanum* (Solanaceae) Sect. *Cyphomandropsis* based on chromosome banding. *New Zealand Journal of Botany*, v. 50, n. 2, p. 217-225, 2012.

MOREIRA, G. R.; *et al.* Espécies e Variedade de pimenteiras. **Informe Agropecuário**, v. 27, 16-29, 2006.

MOSCONE, E. A. Chromosome studies on *Capsicum* (Solanaceae) I. Karyotype analysis in *C. chacoense*. **Brittonia**, v. 42, n. 2, p. 147-154, 1990.

MOSCONE, E. A. *et al.* Giemsa C-banded karyotypes in *Capsicum* (Solanaceae). **Plant Systematics And Evolution**, v. 186, p. 213-229, 1993.

MOSCONE, E. A. *et al.* Fluorescent chromosome banding in the cultivated species of *Capsicum* (Solanaceae). **Plant Systematics And Evolution**, v. 202, p. 37-63, 1996.

MOSCONE, E. A. *et al.* Analysis of Nuclear DNA Content in *Capsicum* (Solanaceae) by Flow Cytometry and Feulgen Densitometry. **Annals of Botany**, v. 92, p. 21-29, 2003.

MOSCONE, E. A. *et al.* The Evolution of Chili Peppers (*Capsicum* – Solanaceae): a Cytogenetic Perspective. **Acta Horticulturae**, v. 745, p. 137-170, 2007.

NEITZKE, R. S. *et al.* Dissimilaridade genética entre acessos de pimenta com potencial ornamental. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 1, p. 47-53, 2010.

PARK, M. *et al.* Comparative analysis of pepper and tomato reveals euchromatin expansion of pepper genome caused by differential accumulation of Ty3/Gypsy-like elements. **BMC Genomics**, v. 12, n. 85, p. 1-13, 2012.

PESSOA, A. M. S. *et al.* Genetic diversity among accessions of *Capsicum annuum* L. through morphoagronomic characters. **Genetics and Molecular Research**, v. 17, n. 1, p. 1-15, 2018.

PICKERSGILL, B. Taxonomy and the origin and evolution of cultivated plants in the New World. **Nature**, v. 268, p. 591-595, 1977.

PIJNACKER, L. P.; FERWERDA, M. A. Giemsa C-banding of potato chromosomes. **Canadian Journal of Genetics**, v. 26, p. 415-419, 1984.

POZZOBON, M. T.; SCHIFINO-WITTMANN, M. T.; BIANCHETTI, L. D. B. Chromosome numbers in wild and semidomesticated Brazilian *Capsicum* L. (Solanaceae) species: do  $x = 12$  and  $x = 13$  represent two evolutionary lines?. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 151, p. 259-269, 2006.

QIN, C. *et al.* Whole-genome sequencing of cultivated and wild peppers provides insights into *Capsicum* domestication and specialization. **PNAS**, v. 111, n. 14, p. 5135-5140, 2014.

RÊGO, E. R. *et al.* A diallel study of yield components and fruit quality in chilli pepper (*Capsicum baccatum*). **Euphytica**, v. 168, p. 275-287, 2009

ROA, F.; GUERRA, M. Non-Random Distribution of 5S rDNA Sites and Its Association with 45S rDNA in Plant Chromosomes. **Cytogenetic and Genome Research**, v. 146, p. 243-249, 2015.

ROHAMI, M. *et al.* Karyotype Analysis of several Ecotypes of *Capsicum annuum* L. in Iranohami. **Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca**, v. 38, n. 3, p. 177-180, 2018.

ROMERO-DA-CRUZ, M. V. *et al.* Cytogenetic markers for the characterization of *Capsicum annuum* L. cultivars, **Plant Biosystems - An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology**, v. 151, n. 1, p. 84-91, 2015.

SAMOLUK, S. S. *et al.* Heterochromatin evolution in *Arachis* investigated through genome-wide analysis of repetitive DNA. **Planta**, v. 249, p. 1405-1415, 2019.

SCALDAFERRO, M. A. *et al.* Genomic characterization of the germplasm in peppers (*Capsicum* – Solanaceae) by fluorescent in situ hybridization. **Plant Science**, v. 43, p. 291–297, 2006.

SCALDAFERRO, M. A. *et al.* Heterochromatin type, amount and distribution in wild species of chili peppers (*Capsicum*, Solanaceae). **Genetic Resources and Crop Evolution**, v 60, p. 693-709, 2013.

SCALDAFERRO, M. A. *et al.* FISH and AgNor mapping of the 45S and 5S rRNA genes in wild and cultivated species of *Capsicum* (Solanaceae). **Genome**, v. 59, p. 95-113, 2016.

SCALDAFERRO, M. A.; MOSCONE, E. A. Cytology and DNA Content Variation of *Capsicum* Genomes. In: **The *Capsicum* Genome**, Switzerland: Springer, Cham, 2019, cap. 4, p. 57-84.

SCHWEIZER, D. Reverse Fluorescent Chromosome Banding with Chromomycin and DAPI. **Chromosoma**, v. 58, p. 307-324, 1976.

SCHWEIZER, D. R-Banding Produced by DNase I Digestion of Chromomycin-Stained Chromosome. **Chromosoma**, v. 64, p. 117-124, 1977.

SCHWEIZER, D.; AMBROS, P. F. Chromosome banding: stain combinations for specific regions. **Chromosome Analysis Protocols**, p. 97-112, 1994.

SHE, C. W. *et al.* Molecular cytogenetic characterisation and phylogenetic analysis of the seven cultivated *Vigna* species (Fabaceae). **Plant Biology**, v. 17, n. 1, p. 1-13, 2014.

SILVA, B. **Bandeamento cromossômico e identificação botânica em pimentas do Banco de Germoplasma de *Capsicum* da UFPI**. 2018. 46p. Dissertação (Mestrado/Genética e Melhoramento) – UFPI, Teresina, 2018.

SINCLAIR, J. H., BROWN, D. D. Retention of common nucleotide sequences in the ribosomal deoxyribonucleic acid of eukaryotes and some of their physical characteristics. **Biochemistry**, v. 10, p. 2761-2769, 1971.

SOUSA, S. A. M.; MARTINS, K. L.; PEREIRA, T. N. Polimorfismo cromossômico em *Capsicum chinense* Jacq. **Ciência Rural**, v. 41, n. 10, p.1777-1783, 2011.

SOUSA, W. R. N. *et al.* Karyotypic characterization of *Capsicum* sp. accessions. **Acta Scientiarum**, v. 37, n. 2, p. 147-153, 2015.

VITTE, C.; BENNETZEN, J. L. Analysis of retrotransposon structural diversity uncovers properties and propensities in angiosperm genome evolution. **PNAS**, v. 103, n. 47, p. 17638-17643, 2006.

ZHOU, H. C.; WAMINAL, N. E.; KIM, H. H. In silico mining and FISH mapping of a chromosome-specific satellite DNA in *Capsicum annuum* L. **Genes & Genomics**, v. 41, p. 1001-1006, 2019.

## 5 CONSIDERAÇÕES FINAIS

A conservação de espécies em bancos de germoplasma não garante seu uso. Sendo assim, uma coleção de acessos deve ser conhecida e, para isso, faz-se necessária a sua caracterização e avaliação. Dessa forma, foi realizada a caracterização morfoagronômica de 21 genótipos por meio de descritores morfológicos. Verificou-se uma ampla divergência genética entre os acessos conservados no BAGC-UFPI. Identificaram-se acessos que podem ser potencialmente utilizados para atender diferentes mercados. Contudo, esses resultados pré-eliminatórios necessitam de novas abordagens tais como ensaios fitopatológicos, bioquímicos, nutricionais e avaliações de necessidades e preferências de consumidores.

Além da caracterização morfoagronômica, 16 genótipos também foram avaliados citogeneticamente pela técnica de dupla coloração CMA/DAPI, constatando-se polimorfismo heterocromático intra e interespecífico. Esse fato indica que, além da diversidade fenotípica, também se verifica variabilidade citológica em acessos de *Capsicum* pertencentes ao BAGC-UFPI. A técnica de bandeamento cromossômico com fluorocromos permitiu uma análise detalhada acerca da composição e distribuição da heterocromatina constitutiva em *Capsicum*, confirmando, portanto, a diversidade do gênero.

Adicionalmente, o uso de técnicas como FISH e imunocoloração, bem como o desenvolvimento de novos marcadores como pintura cromossômica e *barcode*, por exemplo, juntamente com novas abordagens tecnológicas, irão contribuir para um maior entendimento sobre compreensão da organização e funcionamento dos genomas de *Capsicum*. Por fim, as informações obtidas nesse trabalho corroboram a ampla diversidade genética do gênero, com potencial uso em programas de melhoramento e conservação das pimentas *Capsicum*.