



**UNIVERSIDADE ESTADUAL DE FEIRA DE SANTANA  
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM RECURSOS GENÉTICOS  
VEGETAIS**

**HORTÊNCIA KARDEC DA SILVA**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES E DIVERGÊNCIA GENÉTICA  
ENTRE ACESSOS DE FISÁLIS (*Physalisangulata* L.)**

Feira de Santana- BA  
2018

**HORTÊNCIA KARDEC DA SILVA**

**SELEÇÃO DE DESCRITORES E DIVERGÊNCIA GENÉTICA  
ENTRE ACESSOS DE FISÁLIS (*Physalisangulata* L.)**

Dissertação apresentada ao Programa de Pós- Graduação em Recursos Genéticos Vegetais, da Universidade Estadual de Feira de Santana como requisito parcial para obtenção do título de Mestre em Recursos Genéticos Vegetais.

Orientador (a): Profa. Dra. Adriana Rodrigues Passos  
Coorientador (a): Profa.Dra. Alessandra SelbachSchnadelbach

Feira de Santana-BA  
2018

**Ficha Catalográfica - Biblioteca Central Julieta Carteado - UEFS**

S58s Silva, Hortência Kardec da  
Seleção de descritores e divergência genética entre acessos de Fisális  
(*Physalis angulata* L.) / Hortência Kardec da Silva. - 2018.  
74 f.: il.

Orientadora: Adriana Rodrigues Passos.  
Coorientadora: Alessandra Selbach Schnadelbach.  
Dissertação (mestrado) - Universidade Estadual de Feira de  
Santana, Programa de Pós-Graduação em Recursos Genéticos Vegetais,  
2018.

1. Seleção de descritores morfoagronômicos. 2. *Physalis angulata* L. 3.  
Divergência genética. 4. Recursos genéticos vegetais – Conservação e uso.  
I. Passos, Adriana Rodrigues, orient. II. Schnadelbach, Alessandra Selbach,  
coorient. III. Universidade Estadual de Feira de Santana. IV. Título.

CDU: 582.951.4

## **BANCA EXAMINADORA**

---

Prof. Dr. Manoel Abilio de Queiróz

---

Prof. Dr. Ronaldo Simão de Oliveira

---

Prof. (a). Dra. Orientador (a) Adriana Rodrigues Passos  
Orientador (a) e Presidente da Banca

Feira de Santana- BA  
2018

A minha fonte de inspiração: Meus pais, Alan e Cleonice, e minha irmã, Paolla, pelo amor, incentivo e presença em todos os momentos da minha vida.

**Dedico**

## AGRADECIMENTOS

A Deus, pelo amor e por me conceder saúde, força e sabedoria para seguir em frente diante de todos os desafios, tornando possível essa conquista na minha vida.

Aos meus pais, Alan e Cleonice, pelo amor, zelo, apoio, dedicação, inúmeros sacrifícios e renúncias.

A minha irmã, Paolla, pelo amor, cuidado, incentivo, companheirismo e conversas.

À Professora Adriana Rodrigues Passos, pela oportunidade, ensinamentos, motivação, compreensão, confiança e por estar sempre disponível para sanar dúvidas com tranquilidade e paciência.

À Professora Alessandra SelbachSchnadelbach, pelos ensinamentos, apoio, compreensão e contribuição no desenvolvimento do trabalho.

Ao Professor Ricardo e doutorando Leandro da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB), pelo auxílio nas análises estatísticas.

Ao estudante de iniciação científica André, por toda a ajuda, interesse pelo meu trabalho e convívio agradável.

Aos estudantes de graduação da Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), Bruno, Cássio, Gabriela, Itauan, Jaqueline, Marieli e Rafael, por toda a ajuda na montagem e avaliações do experimento de campo.

Aos funcionários do Horto Florestal, pela receptividade e auxílio na montagem e condução dos experimentos de campo.

A todos do laboratório de Genética Molecular (LAGEM), pela troca de conhecimentos e experiências.

Às amigas da pós-graduação Flávia, Jéssica e Katiane pelos bons momentos e por tornarem essa caminhada mais agradável.

Aos meus amigos do Piauí, Johnston, Joseane, Tammiris, Karine, Karol, Laís, Marta, Ananda, Karen, Aline, Diele, Tuyra, Andréa e Mayara pelo amor e por conseguirem minimizar a distância.

A Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS), pela oportunidade de realização do curso de Mestrado.

“Tudo tem o seu tempo determinado, e há tempo para todo propósito debaixo do céu: Há tempo de nascer e tempo de morrer; tempo de plantar e tempo de arrancar o que se plantou; tempo de matar e tempo de curar; tempo de derribar e tempo de edificar; tempo de chorar e tempo de rir; tempo de prantear e tempo de saltar de alegria; tempo de espalhar pedras e tempo de ajuntar pedras; tempo de abraçar e tempo de se afastar-se de abraçar; tempo de buscar e tempo de perder; tempo de guardar e tempo de deitar fora; tempo de rasgar e tempo de coser; tempo de calar e tempo de falar, tempo de amar e tempo de aborrecer, tempo de guerra e tempo de paz.”

**Eclesiastes 3:1-8**

## RESUMO

*Physalis angulata* L. é uma espécie que possui relevante interesse, por apresentar potencial farmacológico e produzir frutos com elevado conteúdo nutracêutico. Contudo, a falta de informações para subsidiar a exploração racional de fisális pode levar a perda de recursos genéticos da espécie, tornando-se evidente a necessidade de um envolvimento científico para a realização de pesquisas. Dessa forma, o presente trabalho teve por objetivo selecionar descritores morfoagronômicos importantes para a caracterização e avaliação de germoplasma de *P. angulata*, assim como avaliar a divergência genética entre acessos de camapú do Banco de Germoplasma da UEFS, por meio de caracteres qualitativos e quantitativos. Doze descritores quantitativos e 22 qualitativos foram analisados em seis acessos de camapú. O descarte dos descritores quantitativos foi baseado na seleção direta e no método de Singh, enquanto os descritores qualitativos foram analisados por entropia. O estudo da divergência genética foi realizado para cada conjunto de dados. A partir de cada uma das matrizes de dissimilaridade, a divergência genética foi avaliada utilizando-se o método de otimização de Tocher e o método hierárquico de ligação média entre grupos (UPGMA). Quatro descritores comuns na seleção direta e no método de Singh foram considerados redundantes. A lista de descritores mínimos para descrever acessos de fisális ficou composta de 14 descritores: altura da planta, diâmetro do caule, frutos norte-sul, número de frutos por planta, comprimento da lâmina foliar, comprimento do entrenó, comprimento longitudinal do fruto e comprimento transversal do fruto, hábito de crescimento, cor do caule, forma da margem foliar, cor do cálice imaturo, forma do fruto e cor do fruto imaturo. A análise de agrupamento entre os seis acessos, pelo método de ligação média entre grupos, com base nos caracteres quantitativos, qualitativos e na análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas, possibilitou a formação de dois grupos para cada conjunto de dados, respectivamente. Verificou-se que, apesar da estrutura final mostrar-se semelhante, entre os métodos de ligação média entre grupos e Tocher, observou-se alterações nos acessos constituintes de cada grupo quando se compara os dois métodos. O descarte de quatro descritores quantitativos, e 16 qualitativos, não ocasiona perdas significativas de informação e minimiza custos na caracterização do germoplasma da espécie. Existe variabilidade genética, para os caracteres quantitativos e qualitativos, no grupo de acessos de *P. angulata* avaliados.

**Palavras-chave:** *Physalis angulata* L. Descarte de descritores. Análise multivariada. Recursos genéticos vegetais.



## ABSTRACT

*Physalis angulata* L. is a species that has relevant interest because it presents pharmacological potential and produces fruits with high nutraceutical content. However, lack of information to support the rational exploration of physalis can lead to the loss of genetic resources of the species, making evident the need for a scientific involvement in research. The objective of the present work was to select important morphoagronomic descriptors for the characterization and evaluation of *P. angulata* germplasm, as well as to evaluate the genetic divergence between the accessions of the germplasm bank of the UEFS, by means of qualitative and quantitative traits. Twelve quantitative descriptors and 22 qualitative descriptors were analyzed in six accessions of camapu. Quantitative descriptor discarding was based on direct selection and Singh method, while qualitative descriptors were analyzed by entropy. The study of genetic divergence was performed for each dataset. From each of the dissimilarity matrices, the genetic divergence was evaluated using the Tocher optimization method and the hierarchical method of linkage between groups (UPGMA). Four common descriptors in direct selection and the Singh method were considered redundant. The list of minimum descriptors to describe physalis accesses was composed of 14 descriptors: plant height, stem diameter, north-south fruits, number of fruits per plant, length of leaf blade, length of cochlea, longitudinal length of fruit and length cross of the fruit, growth habit, stem color, leaf margin shape, immature chalice color, fruit shape and immature fruit color. The clustering analysis between the six accessions, using the method of average linkage between groups, based on the quantitative and qualitative characteristics and the joint analysis of the qualitative and quantitative variables, allowed the formation of two groups for each data set respectively. It was found that, although the final structure showed to be similar, between the methods of mean binding between groups and Tocher, changes in the constituent accesses of each group were observed when the two methods were compared. The discarding of four quantitative and 16 qualitative descriptors does not cause significant information losses and minimizes costs in the characterization of the germplasm of the species. There is genetic variability, for the quantitative and qualitative characters, in the group of accesses of *P. angulata* evaluated.

**Keywords:** *Physalis angulata* L. Descriptor discarding. Multivariate analysis. Plant genetic resources.

## LISTA DE FIGURAS

### CAPÍTULO 1

Figura 1: Experimento conduzido em campo experimental. (A) e (B) Mudanças de *P. angulata* no início da emergência. (C) Muda de *P. angulata* sendo transplantada. (D) e (E) Acessos de *P.angulata* em desenvolvimento. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....34

### CAPÍTULO 2

Figura 1: Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de *P.angulata*, resultante do agrupamento pelo método UPGMA estimado a partir da matriz de dissimilaridade com base na distância generalizada de Mahalanobis, por meio de oito variáveis quantitativas. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....62

Figura 2: Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de *P.angulata*, resultante do agrupamento pelo método UPGMA estimada a partir da matriz de dissimilaridade com base na distância de Cole-Rogers por meio de seis variáveis qualitativas. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....63

Figura 3: Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de *P.angulata*, resultante do agrupamento pelo método UPGMA estimada a partir da matriz de dissimilaridade da distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971), através de oito variáveis quantitativas e seis qualitativas. UEFS. Feira de Santana, 2018.....64

## LISTA DE TABELAS

### Capítulo 1

- Tabela 1: Relação dos acessos caracterizados com as respectivas denominações, procedências, coordenadas geográficas e ano de coleta. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....33
- Tabela 2: Descritores quantitativos e qualitativos para a caracterização de seis acessos de *P. angulata*. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....35
- Tabela 3: Estatística descritiva e teste de normalidade de Shapiro-Wilk para os caracteres quantitativos. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....38
- Tabela 4: Contribuição relativa de 12 descritores para a divergência genética entre seis acessos de *P. angulata*, pelo método proposto por Singh (1981). UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....39
- Tabela 5: Estimativas dos autovalores associados aos Componentes Principais e suas variâncias total e acumulada, obtidas a partir dos descritores avaliados, nos seis acessos de *P. angulata* estudados. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....40
- Tabela 6: Estimativas dos coeficientes de ponderação associados aos Componentes Principais de autovetores inferiores a 0,70 e identificação dos caracteres com indicação para descarte, em cada componente, pela seleção direta dos seis acessos de *P.angulata* avaliados. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....41
- Tabela 7: Variáveis pré-selecionadas e selecionadas baseadas nos métodos de Singh (1981) e Jolliffe (1972). UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....42
- Tabela 8: Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson, com as suas respectivas significâncias, entre as 12 variáveis. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....44

Tabela 9: Descritores qualitativos avaliados, categorias fenotípicas (classes), frequência percentual e nível de entropia dos acessos de <i>P.angulata</i> estudados. UEFS. Feira de Santana, 2018.....	44
---	----

## CAPÍTULO 2

Tabela 1: Relação dos acessos caracterizados com as respectivas denominações, procedências, coordenadas geográficas e ano de coleta. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....	58
--	----

Tabela 2: Resumo das médias aritméticas de seis acessos de <i>P. angulata</i> com oito descritores quantitativos. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....	61
---	----

Tabela 3:Agrupamento de seis acessos de <i>P.angulata</i> , pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando oito caracteres quantitativos.UEFS.Feira de Santana, BA, 2018.....	65
---	----

Tabela 4: Agrupamento de seis acessos de <i>P. angulata</i> , pelo método de Tocher, com base na distância de Cole-Rogers, considerando seis caracteres qualitativos.UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....	65
--	----

Tabela 5: Agrupamento de seis acessos de <i>P.angulata</i> , pelo método de Tocher, com base no algoritmo de Gower (1971), através de oito variáveis quantitativas e seis qualitativas. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....	66
---	----

Tabela 6: Coeficientes de correlação (r) entre matrizes de dissimilaridade, a partir de dados de caracteres quantitativos, caracteres multicategóricos (qualitativos) e dados analisados simultaneamente pelo Algoritmo de Gower. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.....	67
---	----

## SUMÁRIO

<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO GERAL</b>	<b>14</b>
<b>2</b>	<b>REVISÃO DE LITERATURA</b>	<b>17</b>
<b>2.1</b>	<b>Recursos genéticos vegetais: Conservação e uso</b>	<b>17</b>
<b>2.2</b>	<b><i>Physalisangulata</i> L.</b>	
<b>2.2.1</b>	<b>Origem e distribuição geográfica</b>	<b>18</b>
<b>2.2.2</b>	<b>Uso e importância socioeconômica</b>	<b>18</b>
<b>2.3</b>	<b>Seleção de descritores morfoagronômicos</b>	<b>20</b>
<b>2.4</b>	<b>Divergência genética</b>	<b>21</b>
	<b>REFERÊNCIAS</b>	<b>23</b>
	<b>CAPÍTULO 1</b>	<b>28</b>
	<b>SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS EM</b> <b><i>Physalis angulata</i> L.</b>	<b>28</b>
	<b>RESUMO</b>	<b>29</b>
	<b>ABSTRACT</b>	<b>30</b>
<b>1</b>	<b>INTRODUÇÃO</b>	<b>31</b>
<b>2</b>	<b>MATERIAL E MÉTODOS</b>	<b>32</b>
<b>2.1</b>	<b>Área de estudo</b>	<b>32</b>
<b>2.2</b>	<b>Material vegetal</b>	<b>33</b>
<b>2.3</b>	<b>Caracterização morfoagronômica</b>	<b>34</b>
<b>2.4</b>	<b>Análises estatísticas</b>	<b>36</b>
<b>2.4.1</b>	<b>Seleção de descritores quantitativos</b>	<b>36</b>

2.4.2	Seleção de descritores qualitativos	37
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	37
4	CONCLUSÕES	47
	REFERÊNCIAS	48
	CAPÍTULO 2	53
	DIVERGÊNCIA GENÉTICA EM <i>Physalisangulata</i> L.	53
	RESUMO	54
	ABSTRACT	55
1	INTRODUÇÃO	56
2	MATERIAL E MÉTODOS	57
2.1	Área de estudo	57
2.2	Material vegetal	58
2.3	Caracterização morfoagronômica	59
2.4	Análises estatísticas	60
3	RESULTADOS E DISCUSSÃO	60
4	CONCLUSÕES	69
5	CONCLUSÃO GERAL	70
	REFERÊNCIAS	71

## 1 INTRODUÇÃO GERAL

O Brasil é considerado um país megadiverso (COSTA et al., 2012), concentrando 25% da biodiversidade do planeta. Essa ampla diversidade está relacionada à sua vasta extensão territorial, diversidade climática, edáfica e geomorfológica, produzindo como resultado final uma grande diferenciação vegetal (FACHIN; GUARIM, 1995). Entre os representantes dessa diversidade, destacam-se as plantas medicinais, que constituem uma importante fonte de recursos para o país, com grande potencial para serem utilizadas como matéria-prima na fabricação de medicamentos (BRASIL, 2006).

O gênero *Physalis* L., pertencente à família Solanaceae, engloba plantas das quais são aproveitadas todas as partes, desde as raízes e folhas, utilizadas medicinalmente, até o fruto e suas estruturas, como o cálice, utilizado frequentemente em arte floral (RUFATO et al., 2008). O gênero é facilmente reconhecido devido à morfologia peculiar: o fruto é uma baga carnosa e se desenvolve dentro de um cálice formado por cinco sépalas, que o protege contra insetos, pássaros, patógenos e condições climáticas (VELASQUEZ et al., 2007; SOARES et al., 2009).

*Physalisangulata* L. é popularmente conhecida no Brasil como “camapú”, “balãozinho”, “bucha de rã”, “juá de capote” ou “mata-fome” (FREITAS et al., 2006). Essa espécie apresenta grande importância, por ser amplamente utilizada pela população para o tratamento de uma série de doenças, pois apresenta potencial farmacológico, uma vez que a fisalina, metabólito por ela produzido, é comumente utilizado na prevenção e, ou, na cura de diversas doenças tais como a malária, asma, hepatite, dermatite e reumatismo (ADAMS et al., 2009). Além disso, possui ação anticancerígena, antimicrobiana, antipirética, imunomodulatória e diurética (SOARES et al., 2006; CASTRO et al., 2008). Essa planta produz frutos com bom conteúdo de vitaminas A e C, ferro e fósforo, os quais podem ser explorados para alimentação direta ou processados (CHAVES, 2006).

Contudo, apesar do elevado conteúdo nutracêutico do fruto e da importância farmacológica, a falta de informações para subsidiar a exploração racional de *Physalis* pode levar a perda de recursos genéticos da espécie, antes mesmo que esses estudos ao menos tenham sido efetuados. Portanto, é evidente a necessidade de um envolvimento científico para a realização de pesquisas em genética, recursos genéticos, pré-melhoramento e melhoramento genético do camapú, tornando possível o conhecimento amplo para viabilizar a exploração da espécie, o desenvolvimento de tecnologia de produção e o aumento de compostos bioativos de interesse comercial.

As pesquisas com recursos genéticos vegetais envolvem uma série de atividades essenciais, as quais necessitam de suporte financeiro e, principalmente, exigem continuidade (NASS et al., 2001). A existência de uma lacuna entre as atividades com recursos genéticos vegetais e os programas de melhoramento é evidente (SILVA, 2011). Desse modo, para iniciar um programa de melhoramento genético de determinada cultura, é primordial conhecer a variabilidade genética existente, para que essa possa ser explorada de maneira mais eficiente (PEREIRA; PEREIRA, 2006).

A variabilidade genética pode ser verificada pelos diversos tipos de descritores, dentre os quais se destacam os morfoagronômicos, moleculares, citológicos, bioquímicos e fisiológicos (CRUZ;CARNEIRO, 2003). Considerando que os recursos físicos, estruturais e financeiros são limitados é necessário investir em estudos relacionadas à otimização da caracterização e avaliação do germoplasma, sobretudo para características de maior interesse (OLIVEIRA et al., 2014).

O desenvolvimento de novas ferramentas metodológicas e estatísticas, de fácil implementação e compreensão, tem contribuído para a redução na subjetividade na indicação de descritores morfológicos, agronômicos e moleculares (LIMA, 2016). Dentre essas técnicas, aquelas baseadas em análises multivariadas têm ganhado destaque na identificação de descritores de maior interesse, bem como na possibilidade de descarte de caracteres menos relevantes, o que tornaria o trabalho menos laborioso (CASTRO et al., 2012; SILVA et al., 2013; AFONSO et al., 2014; NEVES et al., 2017; SILVA et al., 2017).

Outro aspecto importante, em relação às atividades ligadas à conservação e uso dos recursos genéticos, refere-se ao estudo da divergência genética em que é possível identificar genótipos contrastantes, com características de interesse, a fim de realizar cruzamentos promissores para serem utilizados em programas de melhoramento (CRUZ;CARNEIRO, 2003).A caracterização morfológica é frequentemente a forma mais acessível de quantificar a diversidade genética (SINGH et al., 1991). Essa avaliação consiste em fornecer uma série de informações a respeito da variabilidade genética, de cada amostra estudada, tornando possível o conhecimento do germoplasma (DAROS et al., 2002). E, quando associada à caracterização agronômica, permite identificar características desejáveis pelo agricultor e que satisfaçam o mercado consumidor (FABRI, 2009). A caracterização morfoagronômica é realizada com base em caracteres que sejam de fácil detecção, mensuração e que possuam alta herdabilidade (COSTA et al.,2009).

De modo geral, os descritores morfoagronômicos envolvem dados com diferentes distribuições (contínua, discreta, ordinal, binomial e multicategórica). Frequentemente a



variabilidade genética é analisada separadamente para cada tipo de descritor. Entretanto, a integração entre os diferentes tipos de informações é essencial para uma avaliação mais global da variação genética existente (OLIVEIRA et al., 2015).

Dessa forma, devido à grande importância da *P. angulata* como espécie produtora de frutos de alto valor nutricional e que apresenta propriedades farmacêuticas, o presente trabalho teve por objetivo selecionar descritores morfoagronômicos, importantes para a caracterização e avaliação de germoplasma de *P. angulata*, assim como avaliar a divergência genética entre acessos do Banco de Germoplasma da UEFS, por meio de caracteres qualitativos e quantitativos.

## 2 REVISÃO DE LITERATURA

### 2.1 Recursos genéticos vegetais: Conservação e uso

Diversidade biológica ou biodiversidade relaciona-se a totalidade de genes, espécies e ecossistemas do mundo ou de uma região. A expressão recursos genéticos vegetais delimita o universo da biodiversidade para aquele relacionado com a flora (NASS et al., 2001), representando a constituição genética de plantas, como as espécies nativas, variedades tradicionais, variedades melhoradas e linhagens avançadas que possuem interesse econômico atual ou potencial para a humanidade (QUEIROZ, 1999).

Conservar recursos genéticos vegetais significa conservar a diversidade e variabilidade, das informações genéticas, contidas nos genomas de indivíduos representativos das espécies. Existem duas estratégias de conservação da diversidade genética: *in situ* e *ex situ*. Na conservação *in situ*, as populações são conservadas em seu ambiente natural, onde há a continuidade da evolução e adaptação ao ambiente (COSTA et al., 2012).

Na conservação *ex situ*, a variação genética das espécies é mantida fora do seu habitat natural, podendo ser efetuada através de diversas formas, por exemplo, coleções armazenadas na forma de sementes, propágulos, meristemas, embriões e plantas, em câmaras frias, criotânques ou em campo. Essa conservação pode ser realizada em curto, médio e longo prazo, dependendo da característica da espécie. A conservação em curto e médio prazo de sementes ou plantas é realizada em Bancos Ativos de Germoplasma (BAGs), localizados em várias instituições de pesquisa agrícola do País, sendo denominada de Coleção Ativa (COSTA et al., 2012), como é o caso de espécies pertencentes ao gênero *Physalis* (BETANCOURT et al., 2008).

Germoplasma é o termo utilizado para designar o material conservado em um BAG, sendo definido como o elemento dos recursos genéticos que maneja a variabilidade intraespecífica, objetivando seu uso em programas de melhoramento genético e em biotecnologia (NASS, 2007). Amostras (acessos) que possuam representatividade genética da população original, considerando tanto o tamanho efetivo populacional quanto a frequência alélica são usadas na conservação do germoplasma (VALOIS et al., 1996).

Diversas atividades estão relacionadas com os recursos genéticos vegetais, como coleta, caracterização, avaliação, documentação, conservação e utilização, introdução e intercâmbio de germoplasma (NASS et al., 2001). As atividades de caracterização e avaliação são extremamente importantes, pois constituem a ponte de ligação entre o acesso coletado/introduzido e sua utilização. Dessa forma, os métodos e processos de caracterização

e avaliação do germoplasma vegetal devem ser aplicados adequadamente, aumentando o grau de confiabilidade dos resultados e utilização da variabilidade disponível (BARBIERI; CASTRO, 2015).

Essas atividades são realizadas para distinguir e conhecer a variabilidade genética dos acessos e seu potencial de uso agrônomo, respectivamente. A caracterização é a coleta de dados, sobretudo qualitativos, para descrevê-los, e com isso diferenciar acessos de uma mesma espécie. Por sua vez, a avaliação dos acessos envolve caracteres quantitativos, isto é, controlados por muitos genes e que são altamente influenciados pelas condições ambientais. Diferentes níveis de caracterização são possíveis, entre eles: bioquímica, citogenética, fenológica, molecular, morfológica e reprodutiva (NASS et al., 2001). A decisão de qual método utilizar depende da disponibilidade de recursos e do grau de confiabilidade do método (CONTI et al., 2002).

## **2.2 *Physalisangulata* L.**

### **2.2.1 Origem e Distribuição Geográfica**

A família Solanaceae inclui cerca de 150 gêneros e mais de 3000 espécies, tendo como principal centro de diversidade e origem a América do Sul (SOUZA; LORENZI, 2005). Dentro dessa família, o gênero *Physalis* possui por volta de 90 espécies, que se distribuem pelas zonas temperadas do globo terrestre, especialmente nas Américas Central e do Sul, sendo nos Estados Unidos e México onde se encontram os principais centros de diversidade (HUNZIKER, 2001).

*P. angulata* possui distribuição Neotropical, ocorrendo na América do Norte, Central, Sul e Caribe. No Brasil, tem sua origem na Amazônia, mas pode ocorrer em todo o território brasileiro, recebendo muitas denominações como bucho-de-rã, joa-de-capote, camapú, camambu, camaru, mata-fome, bate-testa, joá, juá-poca, balão-rajado, balão, balãozinho e mullaca (LORENZI; MATOS, 2002, 2008). É uma espécie que pode ser encontrada em terrenos baldios, áreas perturbadas ou próxima de casas (SILVA; AGRA, 2005).

### **2.2.2 Uso e importância socioeconômica**

O gênero *Physalis* inclui plantas das quais são aproveitadas todas as partes, desde raízes, folhas, frutos e cálice, o que lhe confere finalidades alimentícias, medicinais, ornamentais, dentre outras (RUFATO et al., 2008).

O cultivo de pequenas frutas no Brasil tem despertado o interesse de produtores, comerciantes e mercado consumidor (PAGOT; HOFFMANN, 2003). A fisális é uma espécie

que possui elevado potencial para ser explorada comercialmente, podendo ser estudada para a incorporação no quadro das pequenas frutas. Esta espécie frutífera caracteriza-se por produzir frutos com sabor açucarado, devido a baixa acidez e elevada quantidade de açúcares, ricos em vitamina A e C, fósforo e ferro, além de considerável atividade antioxidante, o que constituem um bom atrativo para o aproveitamento tecnológico do fruto e comercialização *in natura* (RUFATO et al., 2008; OLIVEIRA et al., 2011; BOLZAN, 2013).

Estudos fitoquímicos com fisális revelam alta concentração de diversas substâncias do metabolismo secundário, como alcaloides, flavonoides, triterpenos, esteroides, entre outros, servindo como fonte de substâncias ativas e que podem ser empregadas na indústria de fármacos (LORENZI; MATOS, 2008).

A fisális apresenta atividades antileishmaniose e antimicobacteriana, atribuídas às fisalinas (GUIMARÃES et al., 2009), moléculas de estrutura bastante complexa e classificadas como esteroides (TOMASSINI et al., 2000), normalmente encontradas nas folhas, raízes e caule da planta (SIMÕES, 1999).

Estudos com a espécie demonstraram que o extrato aquoso da raiz apresenta efeito genotóxico *in vitro* (SANTOS et al., 2008), o extrato do cálice atividade antineoplásica, o extrato metanólico da flor atividade anti-inflamatória e anti-alérgica (RIBEIRO et al., 2002) e o extrato etanólico dos frutos apresenta ação antibacteriana (LOPES et al., 2006). Além disso, pesquisas revelaram forte atividade citotóxica da planta para vários tipos de células cancerosas e atividade antiviral (LORENZI; MATOS, 2008).

A espécie é muito utilizada na medicina popular de todo o globo terrestre, especialmente na América do Sul (SILVA; AGRA, 2005). No Brasil, é utilizada popularmente para o tratamento de reumatismo crônico, dermatites e doenças na pele, problemas renais, da bexiga e do fígado, assim como sedativo, antifebril, antivomitivo, anticoagulante, diurético e anti-inflamatório (LORENZI; MATOS, 2008; SOUZA et al., 2010). No Pará, as raízes da espécie ainda são utilizadas no preparo de chás para o tratamento de hepatite e malária (BRANCH; SILVA, 1983).

A introdução da fisális, no setor de floricultura, para o uso em vasos é uma possibilidade que pode se tornar uma opção interessante. A espécie apresenta como característica ornamental frutos envolvidos por sépalas em forma de balão. Além disso, a planta possui inúmeras ramificações e folhas semelhantes a algumas espécies de pimenteiras ornamentais (BOSCH et al., 2016).

### 2.3 Seleção de descritores morfoagronômicos

A palavra descritor vem do latim “*descriptore*” que significa o que descreve ou aquele que descreve (COSTA et al., 2012). Logo, descritores podem ser definidos como atributos ou características mensuráveis que são observadas em coleções de germoplasma (BIOVERSITY INTERNATIONAL, 2007), podendo ser qualitativas ou quantitativas. As qualitativas apresentam segregação descontínua e possuem apenas alguns fenótipos distintos (cor da flor, forma do fruto, textura da semente). As quantitativas variam continuamente, ao longo de medidas, com muitos fenótipos superpostos (diâmetro do caule, peso do fruto, número de frutos por planta) (PIERCE, 2013). Os descritores são utilizados para a descrição das características das plantas, permitindo distinguir um acesso de outro, e têm grande utilidade para a gestão dos bancos de germoplasma, no que tange a caracterização, avaliação, conservação e uso dos acessos (BARBIERI; CASTRO, 2015).

Alguns autores afirmam que certos descritores não são eficientes para identificar duplicatas, e podem ser menos informativos para discriminar acessos em bancos de germoplasma. Além disso, algumas listas de descritores exigem uma grande quantidade de observações, tornando-se uma tarefa muito demorada e dispendiosa (SILVA et al., 2013). A redução no número de descritores minimizaria os esforços para caracterizar as coleções de germoplasma (SILVA et al., 2013), uma vez que muitos caracteres são redundantes por serem correlacionados ou dispensáveis (ALVES et al., 2003). Após o descarte, no entanto, o grupo de descritores selecionados deve se mostrar efetivo na representação da variação total, além de proporcionar uma redução nas despesas com mão-de-obra e no tempo destinado à coleta de dados (TORRES FILHO, 2008).

Análises multivariadas, especialmente a de componentes principais, são utilizadas na seleção de descritores para avaliar a importância de cada caráter estudado sobre a variação total disponível. Desse modo, essas análises possibilitariam descartar caracteres que pouco contribuem para a diferenciação dos genótipos avaliados (CRUZ et al., 2004).

Baseado no princípio de que a importância relativa dos componentes principais decresce do primeiro para o último, tem-se que os últimos componentes são responsáveis pela explicação de uma fração mínima da variância total disponível. Assim, a variável que apresenta maior coeficiente de ponderação (elemento do autovetor) no componente de menor autovalor é considerada de menor importância para explicar a variabilidade genética do material estudado, sendo, portanto, possível de descarte (CRUZ et al., 2004).

Estudos com caracteres padronizados, nos quais os autovetores são obtidos a partir da matriz de correlação, tem sido comum descartar o caráter de maior coeficiente (em valor

absoluto) a partir do último componente até aquele cujo autovalor não exceda 0,70, de acordo com Jolliffe (1972, 1973), e Mardia et al. (1979). Quando em um componente de menor variância, o maior coeficiente de ponderação está associado a um caráter já previamente descartado, tem-se optado por não fazer nenhum outro descarte com base nos coeficientes daquele componente, mas prosseguir a importância relativa dos caracteres no outro componente de variância imediatamente superior (CRUZ et al., 2004).

Outro procedimento que tem sido adotado para dar maior segurança na seleção de descritores é o emprego de mais de um procedimento no descarte dos caracteres redundantes (CASTRO et al., 2012; AFONSO et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2014; SILVA et al., 2013; SILVA et al., 2017). Dessa forma, outras metodologias vêm sendo empregadas na avaliação da eficiência do descarte, como o método de Singh (1981), baseado na distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), que considera de menor importância características que expressam menor variabilidade (CHAGAS et al., 2016).

## **2.4 Divergência Genética**

Divergência genética pode ser definida como qualquer medida quantitativa ou diferença genética, estando ao nível de sequência ou nível de frequência alélica, que é calculada entre indivíduos, populações ou espécies (BEAUMONT et al., 1998; MOHAMMADI; PRASANNA, 2003). Para programas de melhoramento, o conhecimento da divergência genética, em bancos de germoplasma, é de grande importância, pois permite identificar a variabilidade genética dos acessos e gerar informações para seu conhecimento e uso (CRUZ et al., 2004).

A divergência genética tem sido avaliada através de técnicas biométricas, baseadas na quantificação da heterose, ou por métodos preditivos. Por sua vez, os métodos preditivos têm recebido maior destaque, pois dispensam a obtenção prévia das combinações híbridas. Esses métodos tomam por base as diferenças morfológicas, fisiológicas, agrônômicas, quantificando-as por uma medida de dissimilaridade (CRUZ et al., 2004).

Para a obtenção das matrizes de dissimilaridade existem vários métodos de quantificação, que vão depender da natureza dos dados, ou seja, se quantitativos, binários ou multicategóricos. A distância generalizada de Mahalanobis, a distância Euclidiana e a distância Euclidiana média são medidas de dissimilaridade utilizadas em variáveis quantitativas, sendo a primeira utilizada em dados com repetições. Por outro lado, para as variáveis qualitativas pode ser aplicada a distância de Cole-Rodgers. Quando se tem dados quantitativos e qualitativos simultaneamente é indicado o uso do algoritmo de Gower, que

permite agrupar os indivíduos analisando concomitantemente todos os tipos de variáveis (CRUZ et al., 2011). No entanto, independente da variável, essas medidas são frequentemente interpretadas e visualizadas por técnicas multivariadas (CRUZ; CARNEIRO, 2003).

As técnicas multivariadas consideram diversas variáveis simultaneamente e são realizadas em variáveis que são correlacionadas. Dessa forma, os métodos estatísticos multivariados associam as múltiplas informações de uma unidade experimental que não poderiam ser obtidas somente com a utilização da análise univariada, onde a característica avaliada é interpretada isoladamente e não considera a correlação com os demais caracteres (VIANA et al., 2001). Vários métodos multivariados podem ser aplicados na predição da divergência genética. Dentre eles, citam-se a análise por componentes principais, variáveis canônicas e os métodos aglomerativos (CRUZ et al., 2004).

Dos métodos de agrupamento mais utilizados, apontam-se os hierárquicos e os de otimização, que realizam o agrupamento dos acessos utilizando algum critério, porém, geralmente, mantêm o princípio de estabelecer maior homogeneidade dentro do grupo que entre os grupos (CRUZ et al., 2004).

Nos métodos hierárquicos, não há preocupação com o número ótimo de grupos formados, e os indivíduos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, estabelecendo-se um dendrograma ou diagrama de árvore. Como exemplo desses métodos, citam-se o do vizinho mais próximo (SLK - *Single Linkage Method*), o da ligação média entre grupos (UPGMA – *Unweighted Pair Group Method Arithmetic Average*) e o proposto por Ward (PEREIRA, 2010).

Nos métodos de otimização, os grupos são estabelecidos aperfeiçoando determinado critério de agrupamento, onde os grupos formados são mutuamente exclusivos, diferenciando esse procedimento dos métodos hierárquicos (CRUZ; REGAZZI, 2001). Um dos métodos de otimização mais empregados é o estabelecido por Tocher, onde se adota o critério de manter a média das medidas de dissimilaridade dentro de cada grupo sempre inferior as distâncias médias entre grupos (FARIA et al., 2012).

Análises multivariadas baseadas em características morfoagronômicas tem sido utilizadas no estudo da divergência genética em várias espécies, inclusive aquelas pertencentes ao gênero *Physalis* (BETANCOURT et al., 2008; LAGOS et al., 2003; PALOMINO, 2010; GONZÁLEZ et al., 2008).

## REFERÊNCIAS

- ADAMS, M. et al. Medicinal herbs for the treatment of rheumatic disorders - A survey of European herbals from the 16th and 17th century. **Journal of Ethnopharmacology**, v.121, n.2, p.343–359, 2009.
- AFONSO, S.D.J. et al. Selection of descriptors in a morphological characteristics considered in cassava accessions by means of multivariate techniques. **Journal of Agriculture and Veterinary Science**, v.8, p.13-20, 2014.
- ALVES, R.M. et al. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.38, n.7, p. 807-818, 2003.
- BARBIERI, R.S.; CASTRO, C.M. Recursos Fitogenéticos: A base da agricultura sustentável no Brasil. In: VEIGA; QUEIROZ (Orgs.). **Descritores para Caracterização de Germoplasma**. 1.ed. Brasília: Sociedade Brasileira de Recursos Genéticos, 2015. cap.22, p.269- 279.
- BEAUMONT, M. A. et al. Measuring genetic distance. In: KARP, A. et al. (Ed.). **Molecular tools for screening biodiversity**. London: Chapman and Hall, 1998. p. 315-325.
- BETANCOURT, M.L.B. et al. Caracterización morfológica de 24 accesiones de uchuva del banco de germoplasma de la Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. **Acta Agronómica**. Palmira, v.57, n.2, p.101- 108, 2008.
- BIOVERSITY INTERNATIONAL. **Guidelines for the development of crop descriptor lists**. Bioversity Technical Bulletin Series. Roma: Bioversity International, 2007. 72p.
- BOLZAN, R.P. **Conservação pós-colheita e caracterização de frutos de *Physalis (Physalis angulata L.)* produzidos na região metropolitana de Curitiba- Paraná**. 2013. 102 f. Tese (Mestrado em Agronomia)- Departamento de Fitotecnia e Fitossanitarismo, Universidade Federal do Paraná, Curitiba.
- BOSCH, E. et al. *Physalis* size reduction for potted ornamental plant use. **Ciência e Agrotecnologia**, v.40, n.5, p. 555-564, 2016.
- BRANCH, L.C.; SILVA, M. F. Folk medicine of Alter do Chão, Pará, Brazil. **Acta Amazonica**, v. 13, n. 5-6, p. 737-779, 1983.
- BRASIL. Ministério da Saúde. Secretaria de Ciência, Tecnologia e Insumos Estratégicos. Departamento de Assistência Farmacêutica. **Política Nacional de Plantas Medicinais e Fitoterápicos**. Brasília: Ministério da Saúde, 2006.
- CASTRO, D.P. et al. Immune depression in *Rhodnius prolixus* by seco-steroids, physalins. **Journal of Insect Physiology**, v.54, n.3, p.555–562, 2008.
- CASTRO, J.A. et al. Definition of morpho-agronomic descriptors for the characterization of yellow passion fruit. **Scientia Horticulturae**, v. 145, p. 17-22, 2012.



CHAGAS, K. et al. Divergência genética em genótipos de maracujazeiro azedo, com base em características físicas e químicas dos frutos. **Revista Ciência Agronômica**, v.47, n.3, p.524-531, 2016.

CHAVES, A.C. **Propagação e avaliação fenológica de *Physalis* sp., na região de Pelotas, RS**. 2006. 65 f.Tese (Doutorado em Agronomia) – Universidade Federal de Pelotas, Pelotas.

CONTI, J.H. et al. Comparação de caracteres morfológicos e agronômicos com moleculares em morangueiros cultivados no Brasil. **Horticultura Brasileira**, v.20, n.3, p.419-423, 2002.

COSTA, A.M. et al. **Conservação de recursos genéticos no Brasil**. 1. ed. Brasília: Embrapa, 2012.

COSTA, F.R. et al. Marcadores RAPD e caracteres morfoagronômicos na determinação da diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões. **Ciência Rural**, v.39, n.3, p.696-704, 2009.

CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. Diversidade genética. In: CRUZ, C. D.; CARNEIRO, P. C. S. (Ed.). **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**, Viçosa: UFV, 2003. p.338-434.

CRUZ, C.D. et al. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.

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

CRUZ, C.D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.

DAROS, M. et al. Caracterização morfológica de acessos de batata-doce. **Horticultura Brasileira**, v. 20, n.1, p.43-47, 2002.

FABRI, E.G. **Diversidade genética entre acessos de batata-doce (*Ipomoea batatas* L.Lam.) avaliada através de marcadores microssatélites e descritores morfoagronômicos**. 2009. 60 p. Tese (Doutorado em Agronomia)- Universidade de São Paulo, Piracicaba.

FACHIM, E.; GUARIM, V.L.M.S. Conservação da Biodiversidade: Espécies da Flora do Mato Grosso. **Acta Botanica Brasilica**, v.9, n.2, p.281-287, 1995.

FARIA, P. N. et al. Métodos de agrupamento em estudo de divergência genética de pimentas. **Horticultura Brasileira**, v. 30, n.3, p.428- 432, 2012.

FREITAS, T.A. et al. Cultivation of *Physalis angulata* L. and *Anadenanthera colubrina* [(Vell.) Brenan] species of the Brazilian semi-arid. **Revista Brasileira de Plantas Mediciniais**, v.8, n.esp., p.201-204, 2006.

GONZÁLEZ, O. T. et al. Caracterización morfológica de cuarenta y seis accesiones de uchuva (*Physalis peruviana* L.), en Antioquia (Colombia). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.30, n.3, p.708-715, 2008.

GUIMARÃES, E. T. et al. Activity of physalins purified from *Physalis angulata* *in vitro* and *in vivo* models of cutaneous leishmaniasis. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, v. 64, n. 1, p. 84-87, 2009.

HUNZIKER, A.T. **The genera of Solanaceae**. Ruggell: A.R.G. Gantner Verlag K.G., 2001.500 p.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. I: Artificial data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v.21, n.2,p.160-173, 1972.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis.II: Real data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v. 22,n.1, p. 21-31, 1973.

LAGOS, T. et al. Caracterización morfológica de la colección Nariño de uvilla o uchuva *Physalis peruviana* L. **Fitotecnia Colombiana**. Colômbia, v3. n.2,p. 1-9.2003.

LIMA, R.S. **Descritores morfoagronômicos e divergência genética entre genótipos de tabaco da variedade Bahia no Recôncavo Baiano**. 2016. 71 f.Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais)- Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, Cruz das Almas.

LOPES, D.C.D.X.P. et al. Atividades antimicrobiana e fototóxica de extratos de frutos e raízes de *Physalis angulata* L. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v.16, n.2, p.206-210, 2006.

LORENZI, H.E.; MATOS, F. J. A. **Plantas medicinais no Brasil: nativas e exóticas**. 1.ed.Nova Odessa: Plantarum, 2002. 512 p.

LORENZI, H. E; MATOS, M. **Plantas medicinais no Brasil: nativas e exóticas cultivadas**. 2. ed. Nova Odessa: Plantarum, 2008.512 p.

MARDIA, K.L. et al. **Multivariate analysis**. London: Academic Press, 1979. 521 p.

MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analysis of genetic diversity in crop plants: salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v.43, n. 4, p. 1.235-1.248, 2003.

NASS, L.L. et al. **Recursos genéticos e melhoramento – plantas**. Rondonópolis: Fundação MT, 2001. 1183 p.

NASS, L. L. **Recursos Genéticos Vegetais**.1.ed. Brasília: Embrapa. 2007. 858 p.

NEVES, R.L.P. et al. Caracterização e avaliação morfológica da parte aérea de acessos de *Psychotria ipecacuanha* (Brot.) Stokes (IPECA). **Revista Cubana de Plantas Medicinales**, v.22, n.1, p.1-13, 2017.

OLIVEIRA, J.A.R. et al. Caracterização física, físico-química e potencial tecnológico de frutos de Camapu (*Physalis angulata* L.). **Revista Brasileira de Tecnologia Industrial**, v.5, n.2, p.573-583, 2011.

OLIVEIRA, E.J. et al. Selection of the most informative morphoagronomic descriptors for cassava germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.49, n.11, p.891- 900, 2014.

OLIVEIRA, E.J. et al. Classification of cassava genotypes based on qualitative and quantitative data. **Genetics and Molecular Research**, v.14, p.906-924, 2015.

PAGOT, E.; HOFFMANN, A. Produção de pequenas frutas no Brasil. In: SEMINÁRIO BRASILEIRO SOBRE PEQUENAS FRUTAS, 1., 2003. Vacaria. **Anais ...Bento Gonçalves: EmbrapaUva e Vinho**, 2003. p. 9-14.

PALOMINO, C.E.M. **Caracterización morfológica de accesiones de *Physalis peruviana* L. del banco de germoplasma de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira**. 2010. 70 f. Tese (Doutorado em Ciências)- Universidad Nacional de Colombia, Palmira.

PEREIRA, T. N. S. **Germoplasma: conservação, manejo e uso no melhoramento de plantas**, Minas Gerais: Arca, 2010. 254 p.

PEREIRA, M.G.; PEREIRA, T.N.S. Marcadores moleculares no pré- melhoramento de plantas. In: BORÉM, A.E.; CAIXETA, E.T. **Marcadores moleculares**, 2006. p. 85-106.

PIERCE, B.A. **Genética: Um enfoque conceitual**. 3.ed. Rio de Janeiro: Guanabara Koogan, 2013. 674 p.

QUEIROZ, M. A. Os recursos genéticos vegetais e os melhoristas de plantas. In: QUEIROZ, M. A.; GOEDERT, C. O.; RAMOS, RAMOS, S. R. R. (Eds.) **Recursos genéticos e melhoramento de plantas para o Nordeste brasileiro**. Petrolina: Embrapa Semiárido, 1999.

RIBEIRO, I.M. et al. *Physalis angulata* L. antineoplastic activity, *in vitro*, evaluation from its stems and fruits capsules. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v.12, supl., p.21-23, 2002.

RUFATO, L. et al. **Aspectos técnicos da cultura da *Physalis***. 1. ed. Lages: CAV/UEDESC, 2008. 100 p.

SANTOS, R.A. et al. Genotoxic effect of *Physalis angulata* L. (solanaceae) extract on human lymphocytes treated *in vitro*. **Biocell**, v.32, n.2, p.195-200, 2008.

SILVA, R.N.O. **Diversidade genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por marcadores morfoagronômicos e moleculares**. 2011. 176 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Universidade Federal do Piauí, Teresina.

SILVA, K.N.; AGRA, M.F. Estudo farmacobotânico comparativo entre *Nycandra physalodes* e *Physalis angulata* (Solanaceae). **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v.15, n.4, p.344-351, 2005.

SILVA, W.C.J. et al. Identification of minimum descriptors for characterization of *Capsicum* spp. germplasm. **Horticultura Brasileira**, v.31, n. 2, p. 190- 202, 2013.

SILVA, R.S. et al. Selection of morphoagronomic descriptors for the characterization of accessions of cassava of the Eastern Brazilian Amazon. **Genetics and Molecular Research**, v.16, n.2, 2017.

SIMÕES, M. O. **Farmacognosia: da planta ao medicamento**. Porto Alegre/ Florianópolis: Ed. Universidade/ UFRGS/Ed. Da UFSC. 1999.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

SINGH, S.P. et al. Genetic diversity in cultivated common bean: II. Marker-based analysis of morphological and agronomic traits. **Crop Science**, v. 31, p. 23-29, 1991.

SOARES, E.L. de C. et al. O gênero *Physalis* L. (Solanaceae) no Rio Grande do Sul, Brasil. **Pesquisas, Botânica**, n.60, p.323-340, 2009.

SOARES, M.B. et al. Physalins B, F and G, seco-steroids purified from *Physalis angulata* L. inhibit lymphocyte function and allogeneic transplant rejection. **International Immunopharmacology**, v.6, n.3, p.408–414, 2006.

SOUZA, C. L. M. et al. Morfologia de sementes e desenvolvimento pós-seminal de *Physalis angulata* L. **Acta Botanica Brasilica**, v. 24, n. 4, p. 1082-1085. 2010.

SOUZA, V.C.; LORENZI, H. **Botânica sistemática: Guia ilustrado para identificação das famílias de angiospermas da flora brasileira, baseado em APG II**. 2. ed. Nova Odessa: Instituto Plantarum. 2005. 640 p.

TOMASSINI, T.C.B. et al. Gênero *Physalis*- uma revisão sobre vitaesteróides. **Química Nova**, v.23, n.1, p.47-57, 2000.

TORRES FILHO, J. **Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro**. 2008. 150 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró.

VALOIS, A.C.C. et al. **Glossário de recursos genéticos vegetais**. Brasília: Embrapa-SPI, 1996. 62 p.

VELASQUEZ, H.J.C. et al. Estudio preliminar de la resistencia mecánica a la fractura y fuerza de firmeza para fruta de uchuva (*Physalis peruviana* L.) **Revista Facultad Nacional de Agronomía**, v.60, n.1, p.3785-3796, 2007.

VIANA, C. F. A.; VIANA, M. A. S.; PIRES, A. V. et al. Análise de variância multivariada na avaliação de grupos genéticos de matrizes de frangos de corte. **Arquivo Brasileiro de Medicina Veterinária e Zootecnia**, v. 53, n. 4, p.1- 6, 2001.

## CAPÍTULO 1

### SELEÇÃO DE DESCRITORES MORFOAGRONÔMICOS EM *Physalisangulata* L.

## RESUMO

A espécie *Physalis angulata* L., pertencente a família Solanaceae, é usada tradicionalmente como planta medicinal e possui frutos com alto valor nutricional, rico em vitaminas A e C, ferro e fósforo e que apresentam potencial para serem explorados comercialmente. A caracterização é uma atividade essencial por fornecer subsídios para melhor conservação e utilização de acessos em programas de melhoramento. O objetivo deste estudo foi selecionar descritores morfoagronômicos importantes para a caracterização e avaliação de germoplasma de *P. angulata*. Doze descritores quantitativos e 22 qualitativos relacionados às características de plantas, folhas, flores e frutos foram analisados em seis acessos de camapú. A seleção dos descritores quantitativos foi baseada na seleção direta e no método de Singh, enquanto os descritores qualitativos foram analisados por entropia. Dez descritores quantitativos foram descartados por seleção direta e cinco foram descartados pelo método de Singh. No entanto, apenas quatro descritores comuns aos dois métodos foram considerados redundantes. A lista de descritores mínimos para descrever acessos de fisális ficou composta de 14 descritores: altura da planta, diâmetro do caule, frutos norte-sul, número de frutos por planta, comprimento da lâmina foliar, comprimento do entrenó, comprimento longitudinal do fruto e comprimento transversal do fruto, hábito de crescimento, cor do caule, forma da margem foliar, cor do cálice imaturo, forma do fruto e cor do fruto imaturo, sendo oito descritores quantitativos e seis descritores qualitativos respectivamente. O descarte de 58,82% dos descritores permitirá reduzir a mão-de-obra, o tempo e os recursos destinados a caracterização de germoplasma de *P. angulata*.

**Palavras-chave:** Fisális. Características morfoagronômicas. Análise Multivariada. Componentes Principais.

### ABSTRACT

The species *Physalis angulata* L., belonging to the family Solanaceae, is traditionally used as a medicinal plant and has fruits with high nutritional value rich in vitamins A and C, iron and phosphorus and that have potential to be commercially exploited. Characterization is an essential activity for providing subsidies for better conservation and use of access in breeding programs. The objective of this study was to select important morphoagronomic descriptors for the characterization and evaluation of *P. angulata* germplasm. Twelve quantitative descriptors and 22 qualitative descriptors related to the characteristics of plants, leaves, flowers and fruits were analyzed in six accessions of camapu. The selection of the quantitative descriptors was based on the direct selection and the Singh method, while the qualitative descriptors were analyzed by entropy. Ten quantitative descriptors were discarded by direct selection and five were discarded by the Singh method. However, only four descriptors common to both methods were considered redundant. The list of minimum descriptors to describe *physalis* accesses was composed of 14 descriptors: plant height, stem diameter, north-south fruits, number of fruits per plant, length of leaf blade, length of cochlea, longitudinal length of fruit and length fruit color and color of the immature fruit, with eight quantitative descriptors and six qualitative descriptors, respectively. The discarding of 58.82% of the descriptors will reduce labor, time and resources for the characterization of *P. angulata* germplasm.

**Keywords:** *Physalis*. Morphoagronomic characteristics. Multivariate analysis. Main Components.

## 1 INTRODUÇÃO

O gênero *Physalis*L., pertencente à família Solanaceae, possui cerca de 90 espécies, ocorrendo desde o sul da América do Norte até a América do Sul (HUNZIKER, 2001). O nome *Physalis* é oriundo do grego, onde “physa” significa bolha ou bexiga, referindo-se ao cálice que cobre seus frutos, geralmente comestíveis (TOMASSINI, 2000). Dentre todas as espécies do gênero, *Physalisangulata*L. é a que ocorre na maior parte do território brasileiro, caracterizada por ser uma planta herbácea, de ciclo anual, alcançando até um metro de altura (LORENZI; MATOS, 2002).

*P.angulata* destaca-se pela produção de metabólitos secundários com vasto potencial medicinal (TOMASSINI, 2000). Estudos demonstram suas propriedades antiparasitárias contra *Plasmodiumfalciparum*, diferentes espécies de *Leishmania* (GUIMARÃES et al., 2009; SÁ et al., 2011) e *Trypanossomacruzi*(MEIRA et al., 2013), além de atividade antitumoral, bactericida, anti-inflamatória e imunomoduladora (KAWAI et al., 1991; SILVA et al., 2005; MAGALHÃES et al., 2006; SOARES et al., 2006; HELVACI et al., 2010). Além disso, o seu fruto possui alto valor nutricional, rico em vitaminas, especialmente A e C, além de fósforo e ferro (LORENZI; MATOS, 2008).

A organização e manutenção de recursos genéticos das espécies, considerando as atividades de coleta, caracterização e conservação, são essenciais para sustentar a base genética de programas de melhoramento genético (SILVA et al., 2017).A caracterização é uma atividade fundamental para geração de conhecimentos sobre o germoplasma, conservado em bancos ou coleções, por proporcionar melhor manejo dos acessos e por fornecer subsídios para a conservação e preservação, assim como para o uso em programas de melhoramento (DANTAS et al., 2012). A caracterização pode ser feita com o auxílio de descritores botânicos, morfológicos e agrônômicos, sejam eles quantitativos ou qualitativos (TORRES FILHO, 2008).

Quando o número de caracteres é elevado, é possível que alguns deles sejam redundantes e pouco contribuam para a discriminação dos indivíduos avaliados, visto que esses caracteres quase sempre estão correlacionados (DAHER et al., 1993), ou são dispensáveis, por representarem uma fração desprezível da variação total (ALVES et al., 2003). Por conseguinte, o uso de um número muito elevado de descritores resultará no aumento do trabalho de caracterização, sem melhoria de precisão, além de tornar mais complexa a análise e interpretação dos dados. Então, a eliminação de descritores redundantes e de difícil mensuração torna-se desejável, a fim de facilitar os estudos, reduzir tempo, custos



de experimentação, sem, contudo, afetar a confiabilidade dos resultados (TORRES FILHO, 2008).

As técnicas multivariadas proporcionam a avaliação simultânea de diversos caracteres, e possibilitam que várias inferências sejam feitas a partir do conjunto de dados existentes (FONSECA; SILVA, 1997). Assim, as análises multivariadas, são ferramentas úteis para a identificação de descritores mais informativos e os menos relevantes para caracterização de germoplasma e melhoramento genético, uma vez que fornece informações para excluir descritores que contribuem pouco para variação total (CRUZ et al., 2004). O emprego de mais de um procedimento no descarte dos caracteres redundantes tem sido adotado para dar maior segurança na seleção de descritores (CASTRO et al., 2012; AFONSO et al., 2014; OLIVEIRA et al., 2014; SILVA et al., 2013; SILVA et al., 2017). Dessa forma, outras metodologias vêm sendo empregadas na avaliação da eficiência do descarte, como o método de Singh (1981), baseado na distância de Mahalanobis ( $D^2$ ), que considera de menor importância características que expressam menor variabilidade (CHAGAS et al., 2016).

Técnicas para seleção de descritores foram utilizados em espécies da família Solanaceae, como tomate (GONÇALVES et al., 2009) e *Capsicum* spp. (ORTIZ et al., 2010; SUDRÉ et al., 2010; SILVA et al., 2013). Entretanto, mesmo com a visível importância da espécie, não foram encontrados trabalhos sobre a capacidade discriminatória dos descritores, e nem sobre o número adequado de descritores capaz de diferenciar os acessos, sendo, portanto, necessárias informações que possam orientar trabalhos futuros, tanto na área de recursos genéticos como no melhoramento de plantas dessa espécie.

Dessa forma, o objetivo deste trabalho foi selecionar descritores morfoagronômicos importantes para a caracterização e avaliação de germoplasma de *P. angulata*.

## **2 MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Área de estudo**

O experimento foi realizado no período de abril a setembro de 2017 na área da Unidade Experimental Horto Florestal (12° 16' 087''S; 38° 56' 346''W; 243 m de altitude) pertencente à Universidade Estadual de Feira de Santana (UEFS) em Feira de Santana, BA. Segundo a classificação climática de Koppen (1948), o clima da região é do tipo quente e úmido. Já para Thorntwaite Mather (1955) o clima do município é de sub-úmido a seco. Apresenta precipitação média anual de 848 mm e temperatura média anual de 24 °C, podendo, no verão, atingir médias mensais de 27 °C e, no inverno, de 21 °C (DINIZ; SANTOS; SANTO, 2008).

## 2.2 Material vegetal

Foram utilizados seis acessos de *P. angulata* da Coleção de Germoplasma da UEFS. Esses acessos são oriundos de coletas realizadas na Bahia e Piauí, dos quais três (AN1, AN2 e AN3) já foram submetidos por Silva (2007) e Araujo (2012) a três ciclos de seleção de autofecundação (Tabela 1).

**Tabela 1.** Relação dos acessos caracterizados com as respectivas denominações, procedências, coordenadas geográficas e ano de coleta. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Acesso	Origem		
	Cidade/Estado	Coordenadas geográficas	Ano
FSA	Feira de Santana/BA	12° 26' 67"S e 38° 96' 67"O	2016
PI	Teresina/PI	05° 00' 25"S e 42° 49' 55"O	2017
CA	Candeias/BA	12° 77' 05"S e 38°46' 52"O	2016
AN1	Anguera/BA	12° 09' 04"S e 39° 14' 47"O	2005
AN2	Anguera/BA	12° 09' 04"S e 39° 14' 47"O	2005
AN3	Anguera/BA	12° 09' 04"S e 39° 14' 47"O	2005



**Figura 1:** Experimento conduzido em campo experimental. (A) e (B) Mudas de *P. angulata* no início da emergência. (C) Muda de *P. angulata* sendo transplantada. (D) e (E) Acessos de *P. angulata* em desenvolvimento. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

### 2.3 Caracterização morfoagronômica

O experimento foi conduzido em campo experimental, em delineamento em blocos casualizados completos, com três repetições e parcela útil de seis plantas, totalizando 18 plantas por tratamento. Utilizou-se o espaçamento de 1,0m entre linhas e 0,8m entre plantas. Para a formação das mudas, três sementes foram semeadas em copos descartáveis de 300 mL, contendo o substrato comercial TechnsVivato. O desbaste foi realizado 15 dias após a semeadura, permanecendo as plântulas mais vigorosas.

As mudas foram mantidas em condições de telado com regas manuais diárias no início da manhã e final da tarde. Ao atingirem cerca de 20 cm de comprimento foram transplantadas para condições de campo aberto (Figura 1), com irrigação localizada do tipo gotejamento. A adubação foi feita conforme indicação para cultura do tomateiro e para o controle de pragas utilizou-se óleo de nim, aplicado com pulverizador manual no início do desenvolvimento das plantas.

As avaliações foram realizadas dois meses após o transplante, com o uso de descritores morfoagronômicos, propostos pela Universidade Nacional da Colômbia (GONZÁLEZ et al. 2008), com ajustes para a espécie. Foram utilizados 12 descritores quantitativos e 22 descritores qualitativos (Tabela 2). As variáveis qualitativas foram analisadas com base na classe fenotípica dos descritores para *P. angulata* (GONZÁLEZ et al. 2008) e de acordo com o Catálogo de cores da Royal Horticultural Society (THE ROYAL HORTICULTURAL SOCIETY, 2001). Os descritores quantitativos e qualitativos foram

analisados em cinco folhas e frutos de seis plantas em cada acesso, com total de 18 plantas avaliadas por acesso.

**Tabela 2:** Descritores quantitativos e qualitativos para a caracterização de seis acessos de *P. angulata* da UEFS. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Descritor	Metodologia
<b>Descritores quantitativos</b>	
Altura da planta (ALT)	Medida da base até o topo do ramo principal, em 18 plantas, expressa em cm.
Diâmetro do caule (DC)	Medida da base até cinco cm do solo, em 18 plantas, expressa em mm.
Frutos norte-sul (FNS)	Número de frutos do eixo norte-sul, em 18 plantas, expresso em unidade.
Frutos leste-oeste (FSO)	Número de frutos do eixo leste-oeste, em 18 plantas, expresso em unidade.
Peso de cinco frutos maduros (PFM)	Média de cinco frutos maduros escolhidos ao acaso, em 18 plantas, expressa em kg planta <sup>-1</sup> .
Número de frutos por planta (NFP)	Número de frutos por planta, em 18 plantas, expresso em unidade.
Comprimento da lâmina foliar (COLF)	Média do comprimento foliar, da base ao ápice do limbo foliar, de cinco folhas escolhidas ao acaso, em 18 plantas, expressa em cm.
Largura da lâmina foliar (LALF)	Média da largura do limbo foliar, na base, de cinco folhas escolhidas ao acaso, em 18 plantas, expressa em cm.
Comprimento do entrenó (CE)	Média do comprimento entre cinco nós escolhidos ao acaso, em 18 plantas, expressa em cm.
Comprimento longitudinal do fruto (CLF)	Média do eixo longitudinal de cinco frutos maduros escolhidos ao acaso, em 18 plantas, expressa em mm.
Comprimento transversal do fruto (CTF)	Média do eixo transversal de cinco frutos maduros escolhidos ao acaso, em 18 plantas, expressa em mm.
Sólidos solúveis totais (SST)	Média do teor de sólidos solúveis totais de cinco frutos maduros escolhidos ao acaso, em 18 plantas, expressa em grau Brix a 20°
<b>Descritores Qualitativos</b>	
Hábito de crescimento (HC)	1= Ereto; 2= Semi-ereto; 3=Prostrado.

Continua...

**Tabela 2:** Descritores quantitativos e qualitativos para a caracterização de seis acessos de *P. angulata* da UEFS. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Descritor	Metodologia
<b>Descritores Qualitativos</b>	
Cor do caule (CC)	1= Verde; 2= Púrpura.
Pubescência do caule (PC)	1= Ausente; 2= Fraca; 3= Média; 4= Abundante.
Antocianina no caule (AC)	1= Ausente; 2= Presente.
Forma da lâmina foliar (FLF)	1= Lanceolada; 2= Cordada; 3= Assimétrica.
Forma da margem foliar (FMF)	1= Serrada; 2= Ondulada; 3= Repando; 4= Ondulada; 5= Simuada.
Forma da base foliar (FBF)	1= Inequilátera; 2= Cuneada; 3= Oblíqua; 4= Cordada; 5= Subcordada.
Forma do ápice foliar (FAF)	1= Agudo; 2= Apiculado; 3= Acuminado.
Pubescência do feixe de folhas (PFF)	1= Ausente; 2= Fraca; 3= Média; 4= Abundante.
Pubescência ao redor das folhas (PRF)	1= Ausente; 2= Fraca; 3= Média; 4= Abundante.
Antocianina nas veias foliares (AVF)	1= Ausente; 2= Presente.
Posição da flor (Pflor)	1= Ereta; 2= Pêndula.
Cor da corola (Ccor)	1= RHS 8C; 2= Amarelo 5C; 3= Amarelo 5B; 4= Amarelo 6B.
Cor das manchas da corola (Ccor)	1= Café; 2= Marrom.
Cor do cálice imaturo (CCI)	1= Verde sem antocianina; 2= Verde com antocianina leve; 3= Verde com antocianina forte.
Cor do pedicelo (CP)	1= Verde; 2= Púrpura.
Cor do fruto imaturo (CFI)	1= RHS 144A; 2= RHS145B; 3= Amarelo verde 152C; 4= Amarelo laranja 23A.
Cor do fruto maduro (CFM)	1= RHS 160B; 2= RHS 145C; 3= Roxo; 4= Verde-roxo.
Tipo de cálice (Tcal)	1= Acrescente; 2= Não acrescente; 3= Globoso.
Forma do cálice (Fcal)	1= Alongado; 2= Levemente achatado; 3= Achatado.
Divisão do cálice (Dcal)	1= Ausente; 2= Presente.

## 2.4 Análises estatísticas

### 2.4.1 Seleção de descritores quantitativos

Inicialmente os dados obtidos através dos caracteres quantitativos foram analisados por meio de estatística descritiva, utilizando-se medidas de posição (média) e dispersão

(valores máximos e mínimos, desvio padrão e coeficiente de variação). Além disso, foi realizado o teste de Normalidade de Shapiro-Wilk.

O reconhecimento dos descritores redundantes foi realizado por dois métodos: 1) seleção direta (JOLLIFFE, 1972, 1973), sendo indicado para descarte todo descritor que apresentasse maior coeficiente de ponderação em valor absoluto (autovetor), no componente principal de autovalor menor, partindo do último componente até aquele cujo autovalor não excedeu 0,70; 2) Seleção de acordo com o coeficiente de Singh (1981), levando-se em conta a contribuição relativa de cada característica para a divergência genética.

Levando-se em consideração as informações coincidentes, em ambas as técnicas, foi realizado o descarte definitivo dos descritores, excluindo-se aqueles sugeridos como redundantes nos dois métodos. Foram estimados os coeficientes de correlação de Pearson, entre todos os descritores, para verificar a associação entre os descritores descartados e os remanescentes, auxiliando na decisão de descarte. A significância do coeficiente de correlação foi verificada pelo teste t.

#### **2.4.2 Seleção de descritores qualitativos**

Para os caracteres qualitativos, foram calculadas as frequências percentuais de cada classe e o nível de entropia dos descritores através do coeficiente de entropia de Renyi (RENYI, 1961). Foram descartados os descritores que apresentaram nível de entropia 0,00.

As análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa GENES (CRUZ, 2013) e R (R CORE TEAM, 2013).

### **3 RESULTADOS E DISCUSSÃO**

Na Tabela 3, observa-se a amplitude dos valores apresentados a partir da estatística descritiva dos caracteres quantitativos estudados. Os coeficientes de variação (CV) oscilaram de 8,78% a 68,21%, correspondente ao comprimento transversal do fruto (CTF) e número de frutos por planta (NFP), respectivamente. Os valores encontrados para o CV refletem uma ampla variação entre os resultados, apresentando assim, uma variabilidade e heterogeneidade entre os acessos, passível de exploração em programas de melhoramento.

Segundo Pimentel (2009), o coeficiente de variação é a medida estatística utilizada na avaliação da precisão dos experimentos, valores de  $CV < 10\%$  são considerados baixos e o experimento tem alta precisão, de  $10\% < CV < 20\%$  médios e de boa precisão, de  $20\% < CV < 30\%$ , alto, com baixa precisão, e  $CV > 30\%$ , muito alto. Portanto, a variabilidade expressa pelos coeficientes de variação para as variáveis altura da planta (ALT), frutos leste-

oeste (FLO), peso de cinco frutos maduros (PFM) e número de frutos por planta (NFP) foi considerada alta (Tabela 3).

**Tabela 3.** Estatística descritiva e teste de normalidade de Shapiro-Wilk para os caracteres quantitativos. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Variáveis	Mínimo	Máximo	Média	Desvio Padrão	CV (%)	W
ALT	33,94	75,02	46,08	11,47	24,90	0,86**
DC	13,53	27,46	18,40	3,55	19,28	0,89*
FNS	5,50	10,33	7,75	1,53	19,71	0,95 <sup>ns</sup>
FLO	4,83	11,00	7,55	1,76	23,25	0,97 <sup>ns</sup>
PFM	8,09	16,40	12,00	2,93	24,41	0,91 <sup>ns</sup>
NFP	79,60	516,17	188,96	128,88	68,21	0,79**
COLF	6,81	10,16	8,20	1,03	12,51	0,94 <sup>ns</sup>
LALF	2,96	5,12	3,94	0,61	15,46	0,95 <sup>ns</sup>
CE	3,46	6,35	4,74	0,86	18,14	0,95 <sup>ns</sup>
CLF	11,31	19,01	15,18	1,76	11,62	0,90*
CTF	12,16	16,47	13,86	1,22	8,78	0,86**
SST	8,37	12,19	10,40	1,15	11,02	0,96 <sup>ns</sup>

Altura da planta (ALT), em cm; Diâmetro do caule (DC), em mm; Frutos norte-sul (FNS), em unidade; Frutos leste-oeste (FLO), em unidade; Peso de cinco frutos maduros (PFM), em kg planta<sup>-1</sup>; Número de frutos por planta (NFP), em unidade; Comprimento da lâmina foliar (COLF), em cm; Largura da lâmina foliar (LALF), em cm; Comprimento do entrenó (CE), em cm; Comprimento longitudinal do fruto (CLF), em mm; Comprimento transversal do fruto (CTF), em mm; Sólidos Solúveis Totais (SST), em °Brix. \*\* significativo a 1%, \* significativo a 5% de probabilidade pelo teste de Shapiro-Wilks. <sup>ns</sup> não significativo. Teste de Normalidade (W), Coeficiente de Variação (CV).

Restrepo e Vallejo (2003), ao estimar a variabilidade genética em acessos de tomate, obtiveram coeficiente de variação igual a 82,34%, 30,82% e 30,04% para variável número de frutos por planta, peso médio do fruto e altura da planta, respectivamente, descritores esses, relevantes em função da sua importância no manejo da cultura. Ambrosano e Schammas (1994) discordaram quanto à categorização do coeficiente de variação, e sustentam que a classificação do CV deve estar ligada a variável estudada, sendo que um determinado valor de CV pode ser considerado alto para uma variável e baixo para outra. Segundo Ledo et al. (2003), essa categorização é inconveniente por não levar em consideração vários fatores como a cultura estudada, tamanho da parcela e heterogeneidade do solo.

A variável número de frutos por planta (NFP) exibiu a maior variação, cuja diferença entre o valor máximo e o mínimo foi de 436,57, enquanto a largura da lâmina foliar (LALF) apresentou as menores variações (2,96 cm e 5,12 cm para mínimo e máximo, respectivamente) (Tabela 3). Moreno et al. (2012) obtiveram resultados que corroboram os encontrados, nesse estudo, obtendo maior variação para a variável número de frutos por planta (NFP), avaliando a variabilidade de 54 acessos de uma coleção de germoplasma de *Physalis peruviana* L. proveniente da região central e nordeste da Colômbia.

Com base no coeficiente de Singh (1981), os caracteres que proporcionaram maiores contribuições relativas quanto à diversidade genética dos acessos foram frutos norte-sul (FNS), com 20,14% de contribuição, seguido pelos descritores diâmetro do caule (DC), com 17,23%, comprimento do entrenó (CE), com 11,60%, comprimento da lâmina foliar (COLF), com 10,92%, altura da planta (ALT), com 9,15%, número de frutos por planta (NFP), com 6,98% e comprimento transversal do fruto (CTF), com 6,49%. Essas sete características contribuíram com 82,51% da distribuição total (Tabela 4).

Sudré et al. (2005), avaliando a divergência genética entre 56 acessos da coleção de germoplasma de *Capsicum* spp. da Universidade Estadual do Norte Fluminense (UENF), por meio de onze descritores quantitativos, verificaram resultado distinto, ao encontrado nesse trabalho, sendo o comprimento do fruto, diâmetro do caule, número de sementes por fruto e peso médio do fruto os descritores com maior contribuição para a dissimilaridade genética (32%, 32%, 13% e 12%, respectivamente). Assim, destaca-se a importância de se realizar estudos nas coleções específicas, bem como considerar diferentes condições ambientais quando da caracterização de germoplasma através de descritores morfoagronômicos (MIGUEL, 2017).

**Tabela 4:** Contribuição relativa de doze descritores para a divergência genética entre seis acessos de *P. angulata*, pelo método proposto por Singh (1981). UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Descritores	S.j	Valor (%)
Altura da planta (ALT)	1314048	9,15
Diâmetro do caule (DC)	2474142	17,23
Frutos norte-sul (FNS)	2891718	20,14
Frutos leste-oeste (FLO)	280442,4	1,95
Peso de cinco frutos maduros (PFM)	69172,55	0,48
Número de frutos por planta (NFP)	1003530	6,98
Comprimento da lâmina foliar (COLF)	1569175	10,92
Largura da lâmina foliar (LALF)	758567,7	5,28
Comprimento do entrenó (CE)	1666158	11,60
Comprimento longitudinal do fruto (CLF)	804197	5,60
Comprimento transversal do fruto (CTF)	931860,4	6,49
Sólidos solúveis totais (SST)	594632,8	4,14

Os descritores com menor contribuição foram: peso de cinco frutos maduros (PFM), com 0,48%; frutos leste-oeste (FLO), com 1,95%; sólidos solúveis totais (SST), com 4,14%; largura da lâmina foliar (LALF), com 5,28%; comprimento longitudinal do fruto (CLF), com 5,60% (Tabela 4). Esses caracteres somaram apenas 17,45% da importância relativa e,



portanto, foram considerados pouco informativos na caracterização dos acessos de fisális. Sendo assim, essas variáveis podem ser inicialmente identificadas para descarte, pois de acordo com Rêgo et al. (2003) caracteres que contribuíram com um percentual muito baixo ou que não contribuíram para a variabilidade detectada podem ser descartadas. Como critério para essa análise, variáveis com contribuição relativa inferior a 6% foram descartadas, sendo cinco descritores, ou seja, 41,66% dos descritores foram descartados nesse método (Tabela 4).

As estimativas dos autovalores associados aos componentes principais e as suas respectivas variâncias relativas e acumuladas, obtidas para os 12 caracteres quantitativos, estão representados na Tabela 5. Os dois primeiros componentes principais explicaram 89,49% da variação total acumulada, enquanto que as variâncias relativas com suas respectivas percentagens mostram que grande parte da variação ficou concentrada até o 4º componente principal, correspondendo a 98,35% de toda a variação disponível na coleção de germoplasma.

**Tabela 5:** Estimativas dos autovalores associados aos Componentes Principais e suas variâncias total e acumulada, obtidas a partir dos doze descritores avaliados, nos seis acessos de *P. angulata* estudados. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Componentes Principais	Autovalores	Variância (%)	Variância acumulada (%)
1	9,32	77,66	77,66
2	1,42	11,83	89,49
3	0,68	5,66	95,15
4	0,38	3,20	98,35
5	0,20	1,65	100,00
6	0,00	0,00	100,00
7	0,00	0,00	100,00
8	0,00	0,00	100,00
9	0,00	0,00	100,00
10	0,00	0,00	100,00
11	0,00	0,00	100,00
12	0,00	0,00	100,00

Percentual próximo ao observado neste trabalho foi registrado por Marim et al. (2002) e Moreira (2012), que na análise dos dois primeiros componentes principais, obtiveram, respectivamente, valores de 86% ao analisar características da fase vegetativa e de produção entre 34 acessos de tomateiro, e de 91,07% ao caracterizar linhagens de *Capsicum annuum* L. por meio de descritores quantitativos e qualitativos.

Segundo Cruz et al. (2004), para um estudo da diversidade por meio dos componentes principais, as primeiras variáveis devem reter grande parte da variação total, em

geral, acima de 80%. Para Barros (1991) e Pereira et al. (1992), a distribuição da variância está associada à natureza e ao número de caracteres empregados na análise, estando concentrada nos primeiros componentes, apenas quando se avaliam poucos caracteres de interesse agrônomo ou quando pertencem a partes específicas da planta.

De acordo com o descarte preliminar pelo método direto, proposto por Jolliffe (1972, 1973), 10 dos 12 caracteres (83,33%) que apresentaram os maiores coeficientes de ponderação, em valor absoluto, a partir do último componente principal são passíveis de descarte, em razão do número de componentes que apresentaram autovalores menores que 0,7 (Tabela 6).

**Tabela 6:** Estimativas dos coeficientes de ponderação associados aos Componentes Principais de autovetores inferiores a 0,70 e identificação dos caracteres com indicação para descarte, em cada componente, pela seleção direta dos seis acessos de *P. angulata* avaliados. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Variáveis	Componentes Principais									
	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7	CP8	CP9	CP10	CP11	CP12
ALT	0,31	0,29	0,31	0,32	0,32	0,30	0,24	0,22	0,28	0,19
DC	0,03	0,04	0,00	-0,04	0,05	0,02	-0,41	<b>0,56</b>	0,44	-0,53
FNS	-0,31	-0,44	-0,10	0,02	0,07	0,44	<b>0,56</b>	0,05	0,02	-0,42
FLO	-0,19	-0,34	-0,41	-0,03	0,15	-0,23	0,08	0,51	0,16	<b>0,56</b>
PFM	-0,02	-0,29	0,55	-0,37	<b>0,40</b>	0,08	-0,13	0,01	-0,16	0,13
NFP	-0,15	0,22	-0,24	-0,16	-0,12	<b>0,78</b>	-0,29	0,00	0,00	0,32
COLF	-0,01	0,00	-0,04	<b>0,73</b>	-0,03	0,00	0,05	-0,04	-0,03	0,05
LALF	-0,25	-0,14	<b>0,60</b>	0,10	-0,51	0,02	0,08	0,23	0,13	0,23
CE	-0,07	-0,12	-0,01	-0,11	0,03	-0,06	0,02	-0,54	<b>0,81</b>	0,11
CLF	-0,01	-0,01	-0,01	-0,09	-0,61	0,00	-0,02	0,05	0,03	-0,04
CTF	<b>0,80</b>	-0,23	-0,10	-0,22	-0,24	0,10	0,26	0,10	0,04	0,05
SST	-0,21	<b>0,62</b>	0,01	-0,35	0,00	-0,16	0,52	0,16	0,06	-0,01

Altura da planta (ALT); Diâmetro do caule (DC); Frutos norte-sul (FNS); Frutos leste-este (FLO); Peso de cinco frutos maduros (PFM); Número de frutos por planta (NFP); Comprimento da lâmina foliar (COLF); Largura da lâmina foliar (LALF); Comprimento do entrenó (CE); Comprimento longitudinal do fruto (CLF); Comprimento transversal do fruto (CTF); Sólidos solúveis totais (SST).

O primeiro descritor apontado para descarte com a utilização da seleção direta foi a variável “frutos leste-oeste”, que apresentou o maior coeficiente de ponderação em módulo com o último componente principal (0,56) seguido pelos caracteres “comprimento do entrenó”, “diâmetro do caule” e “frutos norte-sul”, cujos maiores autovetores em módulo ocorreram nos componentes principais 11, 10 e 9, respectivamente (Tabela 6).

Nesse procedimento, dez caracteres foram considerados redundantes, conforme a sequência de descarte: FLO, CE, DC, FNS, NFP, PFM, COLF, LALF, SST e CTF. Esse procedimento pode ser considerado drástico, pois eliminou 10 dos 12 caracteres quantitativos utilizados como descritores em fisalis. Resultados semelhantes foram observados por Alvares

(2011), que avaliou a divergência genética de 137 acessos de *Capsicum chinense* Jacq. e verificou que 14 dos 25 descritores morfoagronômicos foram considerados passíveis de descarte com base no método proposto por Jolliffe (1972, 1973). Brandão et al. (2013) ao propor um número mínimo de descritores morfoagronômicos capaz de quantificar a divergência genética entre acessos de bananeira eliminou 20 dos 27 caracteres quantitativos através do método direto proposto por Jolliffe (1972, 1973). Oliveira et al. (2006) ao selecionarem os descritores morfoagronômicos quantitativos importantes para caracterizar acessos de açaizeiro para produção de frutos descartaram 18 dos 28 descritores por meio do método direto.

Houve discordância de informações entre as duas metodologias haja vista que no procedimento proposto por Jolliffe (1972, 1973) foram indicados para descarte 10 caracteres contra cinco da análise de Singh (Tabela 7). Dessa forma, visando reduzir inconsistências na eliminação de descritores, é comum a adoção de dois procedimentos para indicar os descritores de maior relevância. Por exemplo, Afonso et al. (2014) e Castro et al. (2012) empregaram a seleção direta proposta por Jolliffe (1972, 1973) e coeficiente de Singh na seleção de descritores morfoagronômicos, para mandioca e maracujá amarelo respectivamente.

**Tabela 7:** Variáveis pré-selecionadas e selecionadas baseadas nos métodos de Singh (1981) e Jolliffe (1972). UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Variáveis	Pré-selecionadas		Selecionadas
	Jolliffe (1972)	Singh (1981)	
ALT	Selec.	Selec.	<b>Selecionada</b>
DC	Desc. (3)	Selec.	<b>Selecionada</b>
FNS	Desc. (4)	Selec.	<b>Selecionada</b>
FLO	Desc. (1)	Desc. (2)	Descartada
PFM	Desc. (6)	Desc. (1)	Descartada
NFP	Desc. (5)	Selec.	<b>Selecionada</b>
COLF	Desc. (7)	Selec.	<b>Selecionada</b>
LALF	Desc. (8)	Desc. (4)	Descartada
CE	Desc. (2)	Selec.	<b>Selecionada</b>
CLF	Selec.	Desc. (5)	<b>Selecionada</b>
CTF	Desc. (10)	Selec.	<b>Selecionada</b>
SST	Desc. (9)	Desc. (3)	Descartada

Altura da planta (ALT); Diâmetro docaule (DC); Frutos norte-sul (FNS); Frutos leste-oeste (FLO); Peso de cinco frutos maduros (PFM); Número de frutos por planta (NFP); Comprimento da lâmina foliar (COLF); Largura da lâmina foliar (LALF); Comprimento do entrenó (CE); Comprimentolongitudinal do fruto (CLF); Comprimentotransversal do fruto (CTF); Sólidos solúveis totais (SST).Descartados (Desc.); Selecionados (Sel.).

Com base na análise simultânea dos dois procedimentos, quatro caracteres foram coincidentes em relação ao descarte, ou seja, os descritores eliminados foram os descartados em ambos os métodos. Assim, fizeram parte do descarte final os seguintes descritores: Frutos leste-oeste (FLO), peso de cinco frutos maduros (PFM), largura da lâmina foliar (LALF) e sólidos solúveis totais (SST) (Tabela 7). Os descritores selecionados na análise simultânea (Singh e Jolliffe) foram altura da planta (ALT), diâmetro do caule (DC), frutos norte-sul (FNS), número de frutos por planta (NFP), comprimento da lâmina foliar (COLF), comprimento do entrenó (CE), comprimento longitudinal do fruto (CLF) e comprimento transversal do fruto (CTF) (Tabela 7).

As correlações fenotípicas determinadas entre caracteres são atribuídas a fatores genéticos e ambientais (VENCOVSKY; BARRIGA, 1992) e estimadas com o propósito de mensurar a alteração em um caráter quando se altera outro.

As correlações estabelecidas mostraram-se significativas e positivas para a maioria dos descritores avaliados e demonstram que o descarte das características indicadas não irá ocasionar perda significativa de informações caso não sejam utilizados nas próximas avaliações realizadas na coleção, pois os caracteres indicados para descarte (frutos leste-oeste, peso de cinco frutos maduros e largura da lâmina foliar) encontram-se correlacionados com, pelo menos, um descritor que foi selecionado (Tabela 8).

Foi observada correlação positiva e altamente significativa, com magnitude forte entre os caracteres frutos leste-oeste com altura da planta ( $r = 0,70^{**}$ ), diâmetro do caule ( $r = 0,75^{**}$ ), frutos norte-sul ( $r = 0,85^{**}$ ), número de frutos por planta ( $r = 0,84^{**}$ ), comprimento da lâmina foliar ( $r = 0,72^{**}$ ) e magnitude moderada com comprimento transversal do fruto ( $r = 0,67^{**}$ ). O caractere frutos leste-oeste também apresentou correlação positiva, significativa e com magnitude moderada com o comprimento longitudinal do fruto ( $r = 0,55^*$ ) (Tabela 8).

Constatou-se, também, correlação positiva e significativa, porém com magnitude moderada entre os caracteres peso de cinco frutos maduros e eixo transversal do fruto ( $r = 0,55^*$ ). Observou-se que o caractere largura da lâmina foliar apresentou correlação positiva, altamente significativa e com magnitude forte com altura da planta ( $r = 0,80^{**}$ ), diâmetro do caule ( $r = 0,83^{**}$ ), número de frutos por planta ( $r = 0,79^{**}$ ), comprimento da lâmina foliar ( $r = 0,89^{**}$ ) e magnitude moderada com frutos norte-sul ( $0,68^{**}$ ) e comprimento do entrenó ( $0,67^{**}$ ). O caractere largura da lâmina foliar, também, apresentou correlação positiva, significativa e moderada com o comprimento transversal do fruto ( $r = 0,54^*$ ) (Tabela 8).

A característica indicada para o descarte SST não apresenta diferença significativa com os descritores selecionados. Esta característica é de natureza química não contendo uma relação específica com as demais características, mas sobre a qualidade do fruto (Tabela 8).

**Tabela 8:** Estimativas dos coeficientes de correlação de Pearson, com as suas respectivas significâncias, entre as 12 variáveis. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Variáveis	ALT	DC	FNS	FLO	PFM	NFP	COLF	LALF	CE	CLF	CTF
DC	0,90**										
FNS	0,76**	0,71**									
FLO	0,70**	0,75**	0,85**								
PFM	0,21 <sup>ns</sup>	0,30 <sup>ns</sup>	0,35 <sup>ns</sup>	0,50*							
NFP	0,86**	0,94**	0,79**	0,84**	0,38 <sup>ns</sup>						
COLF	0,90**	0,85**	0,79**	0,72**	0,36 <sup>ns</sup>	0,79**					
LALF	0,80**	0,83**	0,68**	0,63**	0,47*	0,79**	0,89**				
CE	0,63**	0,64**	0,42 <sup>ns</sup>	0,30 <sup>ns</sup>	0,33 <sup>ns</sup>	0,62**	0,49*	0,67**			
CLF	0,40 <sup>ns</sup>	0,42 <sup>ns</sup>	0,34 <sup>ns</sup>	0,55*	0,42 <sup>ns</sup>	0,56*	0,48*	0,44 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>		
CTF	0,47*	0,53*	0,42 <sup>ns</sup>	0,67**	0,55*	0,67**	0,51*	0,54*	0,20 <sup>ns</sup>	0,96**	
SST	-0,25 <sup>ns</sup>	-0,12 <sup>ns</sup>	0,01 <sup>ns</sup>	0,07 <sup>ns</sup>	0,55*	-0,01 <sup>ns</sup>	-0,15 <sup>ns</sup>	-0,07 <sup>ns</sup>	0,17 <sup>ns</sup>	0,06 <sup>ns</sup>	0,12 <sup>ns</sup>

ns = não significativo; \*significativo ao nível de 5% de probabilidade ( $p < 0,05$ ); e \*\*significativo ao nível de 1% de probabilidade ( $p < 0,01$ ), pelo teste t. Altura da planta (ALT), Diâmetro do caule (DC), Frutos norte-sul (FNS); Frutos leste-oeste (FLO), Peso de cinco frutos maduros (PFM), Número de frutos por planta (NFP), Comprimento da lâmina foliar (COLF), Largura da lâmina foliar (LALF), Comprimento do entrenó (CE), Comprimento longitudinal do fruto (CLF) e Comprimento transversal do fruto (CTF).

Na Tabela 9, estão apresentados os descritores qualitativos, suas classes fenotípicas, frequência percentual dos acessos em cada uma das classes e o nível de entropia de Renyi (RENYI, 1961). Foram considerados como variáveis descartadas todas aquelas que apresentaram nível de entropia 0,00.

**Tabela 9:** Descritores qualitativos avaliados, categorias fenotípicas (classes), frequência percentual e nível de entropia dos acessos de *P. angulata* estudados. UEFS. Feira de Santana, 2018.

Descritores	Sigla	Classes	Frequência (%)	Nível de Entropia (H)
Hábito de crescimento	HC	Ereto	50,00	0,69
		Semi-ereto	50,00	
		Prostrado	0,00	
Cor do caule	CC	Verde	50,00	0,69
		Púrpura	50,00	
Pubescência do caule	PC	Ausente	100,00	0,00
		Fraca	0,00	
		Média	0,00	
		Abundante	0,00	

Continua...

**Tabela 9:** Descritores qualitativos avaliados, categorias fenotípicas (classes), frequência percentual e nível de entropia dos acessos de *P. angulata* estudados. UEFS. Feira de Santana, 2018.

Descritores	Sigla	Classes	Frequência (%)	Nível de Entropia (H)
Antocianina no caule	AC	Ausente	0,00	0,00
		Presente	100,00	
Forma da lâmina foliar	FLF	Lanceolada	100,00	0,00
		Cordada	0,00	
		Assimétrica	0,00	
Forma do ápice foliar	FAF	Agudo	0,00	0,00
		Apiculado	100,00	
		Acuminado	0,00	
Forma da margem foliar	FMF	Serrada	83,33	0,45
		Ondulada	16,67	
		Erosa	0,00	
		Sinuada	0,00	
		Repando	0,00	
Forma da base foliar	FBF	Inequilátera	100,00	0,00
		Cuneada	0,00	
		Oblíqua	0,00	
		Cordada	0,00	
		Subcordada	0,00	
Pubescência feixe de folhas	PFF	Ausente	100,00	0,00
		Fraca	0,00	
		Média	0,00	
		Abundante	0,00	
Pubescência ao redor das folhas	PRF	Ausente	100,00	0,00
		Fraca	0,00	
		Média	0,00	
		Abundante	0,00	
Antocianina veias foliares	AVF	Ausente	0,00	0,00
		Presente	100,00	
Posição da flor	Pflor	Ereta	0,00	0,00
		Pêndula	100,00	
Cor da corola	Ccor	RHS8C	100,00	0,00
		Amarelo 5C	0,00	
		Amarelo 5B	0,00	
		Amarelo 6B	0,00	
Cor manchas da corola	Cmcor	Café	0,00	0,00
		Marron	100,00	
Cor do cálice imaturo	CCI	Verde sem antociana	0,00	0,45
		Verde com antocianina leve	83,33	
		Verde com antocianina forte	16,67	
Cor do pedicelo	CP	Verde	0,00	0,00
		Púrpura	100,00	
Forma do fruto	FF	Redondo	0,00	0,64
		Ligeiramente achatado	66,67	
		Achatado	33,33	
		Em forma de coração	0,00	

Continua...

**Tabela 9:** Descritores qualitativos avaliados, categorias fenotípicas (classes), frequência percentual e nível de entropia dos acessos de *P. angulata* estudados. UEFS. Feira de Santana, 2018.

Descritores	Sigla	Classes	Frequência (%)	Nível de Entropia (H)
Cor do fruto imaturo	CFI	RHS 144A	33,33	0,64
		RHS 145B	66,67	
		Amarelo verde 152C	0,00	
		Amarelo laranja 23A	0,00	
Cor do fruto maduro	CFM	RHS 160B	100,00	0,00
		RHS 145C	0,00	
		Roxo	0,00	
		Verde-roxo	0,00	
Tipo de cálice	Tcal	Acrescente	100,00	0,00
		Não-acrescente	0,00	
Forma do cálice	Fcal	Globoso	100,00	0,00
		Alongado	0,00	
		Levemente achatado	0,00	
		Achatado	0,00	
Divisão do cálice	Dcal	Presente	100,00	0,00
		Ausente	0,00	

Hábito de crescimento (0,69), cor do caule (0,69), forma da margem foliar (0,45), cor do cálice imaturo (0,45), forma do fruto (0,64) e cor do fruto imaturo (0,64), apresentaram os maiores valores de entropia, indicando variabilidade genética para essas características.

Os descritores descartados inicialmente por não serem capazes de discriminaros acessos são apresentados na análise de entropia com uma frequência de 100%, ou seja, esses acessos ficaram concentrados na mesma classe dos descritores em questão, apresentando nível de entropia igual a zero, indicando que eram monomórficos para cada característica avaliada. Os descritores descartados foram: Pubescência do caule (PC), antocianina no caule (AC), forma da lâmina foliar (FLF), forma do ápice foliar (FAF), forma da base foliar (FBF), pubescência feixe de folhas (PFF), pubescência ao redor das folhas (PRF), antocianina veias foliares (AVF), posição da flor (Pflor), cor da corola (Ccor), cor manchas da corola (Cmcor), cor do pedicelo (CP), cor do fruto maduro (CFM), tipo de cálice (Tcal), forma do cálice (Fcal) e divisão do cálice (Dcal) (Tabela 9).

Resultados diferentes foram encontrados por Padilha et al. (2016), ao avaliarem a divergência genética e estimarem a entropia dos descritores em vinte e um acessos de pimenta do Banco Ativo de Germoplasma da Embrapa Clima Temperado, verificando que os descritores com os maiores valores de entropia foram posição da flor (1,48), exarcebação do estigma (1,47), cor do fruto na fase madura (1,34), pungência (1,30), altura da planta (1,29),

antocianina nodal (1,27), formato do fruto no pedicelo (1,26), persistência entre pedicelo e frutos (1,24) e formato de frutos (1,21); e a forma do caule, formato da folha, comprimento da placenta e cor da semente apresentaram valores de entropia igual a zero (0,00). Essas diferenças nos valores de entropia dos descritores podem ter sido ocasionadas pela menor quantidade de acessos utilizados no presente trabalho. Assim, infere-se que apesar de determinadas características apresentarem variabilidade genética, não foram encontrados altos valores de entropia pela quantidade de acessos utilizados na pesquisa.

Os valores de entropia e frequência de acessos predizem o desempenho de cada característica. A entropia será maior com o aumento do número de classes fenotípicas e quanto mais equilibrada for a razão entre a frequência de adesão na classe (VIEIRA et al., 2007). Assim, para um descritor morfológico com duas classes fenotípicas, a menor entropia ocorre quando uma das classes fornece 100% e outro 0% para os acessos avaliados.

Foram selecionados os seguintes descritores: Hábito de crescimento (HC), cor do caule (CC), forma da margem foliar (FMF), cor do cálice imaturo (CCI), forma do fruto (FF), cor do fruto imaturo (CFI).

Dentre os 22 descritores qualitativos propostos pela Universidade Nacional da Colômbia (GONZÁLEZ et al. 2008), com ajuste para a espécie (Tabela 1), foi observado que apenas seis descritores foram importantes na quantificação da divergência genética entre os acessos em estudo (Tabela 9).

#### **4 CONCLUSÕES**

A lista de descritores mínimos para a caracterização de acessos de *P. angulata* pode ser constituída por oito descritores quantitativos, altura da planta, diâmetro do caule, frutos norte-sul, número de frutos por planta, comprimento da lâmina foliar, comprimento do entrenó, comprimento longitudinal do fruto e comprimento transversal do fruto e seis qualitativos, hábito de crescimento, cor do caule, forma da margem foliar, cor do cálice imaturo, forma do fruto e cor do fruto imaturo.

O descarte de 58,82% dos descritores não ocasiona perdas significativas de informação, minimiza custos e dinamiza a caracterização do germoplasma de *P. angulata*.



## REFERÊNCIAS

- AFONSO, S.D.J.et al. Selection of descriptors in a morphological characteristics considered in cassava acessions by means of multivariate techniques.**Jounal of Agriculture and Veterinary Science**, v.8, p.13-20, 2014.
- ALVARES, R.N. **Divergência genética entre acessos *Capsicum chinense* Jacq. coletados no sudoeste Goiano**. 2011. 59 f.Dissertação (Mestrado em Agronomia)- Universidade Federal de Goiás, Jataí.
- ALVES, R.M. et al. Seleção de descritores botânico-agronômicos para caracterização de germoplasma de cupuaçuzeiro.**Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.38, n.7, p. 807-818, 2003.
- AMBROSANO, G.M.B.; SCHAMMAS, E.A. Avaliação dos coeficientes de variação em experimentos com forrageiras. **Boletim de Indústria Animal**, v.51, n.1, p.13-20, 1994.
- ARAUJO, F.L. **Estudo genético e citogenético do gênero *Physalis***. 2012. 69 f.Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais), Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana.
- BARROS, L. de M. **Caracterização morfológica e isoenzimática do cajueiro (*Anacardium occidentale*L.), tipos comum e anão-precoce, por meio de técnicas multivariadas**. 1991. 256 f.Tese (Doutorado) - Escola Superior de Agricultura Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, Piracicaba.
- BRANDÃO, L.P.et al. Descriptor selection for banana acessions based on univariate and multivariate analysis. **Genetics and Molecular Research**, v.12, n.2, p.1603- 1620, 2013.
- CASTRO, J.A. et al. Definition of morpho-agronomic descriptors for the characterization of yellow passion fruit. **Scientia Horticulturae**, v. 145, p. 17-22, 2012.
- CHAGAS, K. et al. Divergência genética em genótipos de maracujazeiro azedo, com base em características físicas e químicas dos frutos. **Revista Ciência Agronômica**, v.47, n.3, p.524-531, 2016.
- CRUZ, C.D.et al.**Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3.ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- 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
- DAHER, R. F.et al. Seleção de caracteres morfológicos discriminantes em capim-elefante (*Pennisetum purpureum* Schum.). **Revista Brasileira de Zootecnia**, v. 26, n.2, p. 247-253, 1997.

DANTAS, A.C.A. et al. Caracterização molecular de acessos de melão coletados no Nordeste Brasileiro. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 34, n. 1, p. 183-189, 2012.

DIAS, N.L.P. et al. Selection of morpho-agronomic descriptors for characterization of papaya cultivars. **Euphytica**, v.185, p. 253- 265, 2012.

DINIZ, A. F.; SANTOS, R. L.; SANTO, S. M. Avaliação dos riscos de seca para o município de Feira de Santana-BA associado à influência do *el niño* no semi-árido do nordeste brasileiro. **Geografia's**, n. 1, p. 18 – 24, 2008.

FONSECA, J.R.; SILVA, H.T. Emprego da análise multivariada na caracterização de acessos de feijão (*Phaseolus vulgaris* L.). **Revista Brasileira de Sementes**, v.19, n.2, p. 335- 341, 1997.

GIRALDO, E. et al. Selection of the most discriminating morphological qualitative variables for characterization of fig germplasm. **Journal of the American Society for Horticultural Science**, v.135, p.240-249, 2010.

GONÇALVES, L.S.A. et al. Heirloom tomato gene bank: assessing genetic divergence based on morphological, agronomic and molecular data using a Ward-modified location model. **Genetics and Molecular Research**, v.8, n.1, p. 364-374, 2009.

GONZÁLEZ, O. T. et al. Caracterización morfológica de cuarenta y seis accesiones de uchuva (*Physalis peruviana* L.), en Antioquia (Colombia). **Revista Brasileira de Fruticultura**, Jaboticabal, v.30, n.3, p.708-715,2008.

GUIMARÃES, E. T. et al. Activity of physalins purified from *Physalis angulata* *in vitro* and *in vivo* models of cutaneous leishmaniasis. **Journal of Antimicrobial Chemotherapy**, v. 64, n. 1, p. 84-87, 2009.

HELVACI, S. et al. Antimicrobial activity of the extracts and physalin D from *Physalis alkekengi* and evaluation of antioxidant potential of physalin D. **Pharmaceutical Biology**, v. 48, n.2, p. 142-150, 2010.

HUNZIKER, A.T. **The genera of Solanaceae**. Ruggell: A.R.G. Gantner Verlag K.G., 2001.500 p.

JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. I: Artificial data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v.21, n.2, p.160-173, 1972.

JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis.II: Real data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v. 22,n.1, p. 21-31, 1973.

KAWAI, M. et al. Benzilic acid rearrangement-type reaction of physalis to neophysalins. Structural revision of one of the dehydration products of physalin A. **Tetrahedron**. v. 47, p. 2103-2110, 1991.

KOPPEN, W. **Climatologia: con un estudio de los climas de la tierra**. Fondo de Cultura Econômica. México, 1948. 479 p.

LEDO, C. A. S.; SILVA, O. S.; CONCEIÇÃO, K. S. Avaliação do coeficiente de variação na experimentação com bananeira. **V Simpósio brasileiro sobre bananicultura. I Workshop do genoma musa**; p. 238-240. nov. 2003.

LORENZI, H.E.; MATOS, F. J. A. **Plantas medicinais no Brasil: nativas e exóticas**. 1.ed.Nova Odessa: Plantarum, 2002. 512 p.

LORENZI, H. E; MATOS, M. **Plantas medicinais no Brasil: nativas e exóticas cultivadas**. 2. ed. Nova Odessa: Plantarum, 2008. 512 p.

MAGALHÃES, H. I. et al. *In vitro* and *in vivo* antitumor activity of physalin B and D from *Physalis angulata*. **Journal of Pharmacy and Pharmacology**, v. 58, n.2, p. 235-241, 2006.

MARIM, B.G. et al. Dissimilaridade entre acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV, utilizando características da fase vegetativa e de produção. **Horticultura Brasileira**, Brasília, v.20, n.2, jul. 2002. Suplemento 2. CD-ROM. Trabalho apresentado no 42º Congresso Brasileiro de Olericultura, 2002.

MEIRA, C.S. et al. Physalins B and F, seco-steroids isolated from *Physalis angulata* L., strongly inhibit proliferation, ultrastructure and infectivity of *Trypanosoma cruzi*. **Parasitology**, v.140, n.14, p.1811–1821, 2013.

MIGUEL, L.C.V. **Divergência genética em coleção didática de batata-doce por descritores morfológicos**. 2017. 38 f.Dissertação (Mestrado em Fitotecnia)- Universidade Federal Rural do Semi- Árido, Mossoró.

MORENO, A.M.H. et al. Agronomical evaluation of cape gooseberries (*Physalis peruviana* L.) from central and north-eastern Colombia. **Agronomía Colombiana**, v.30, n.1, p.15-24, 2012.

MOREIRA, S. O. **Caracterização morfológica e molecular de pré-cultivares de *Capsicum annuum* L. com resistência à mancha-bacteriana**. 2012. 124 f.Dissertação (Genética e Melhoramento de Plantas), Universidade Estadual Norte Fluminense “Darcy Ribeiro”, Campos Goytacazes.

OLIVEIRA, M.S.P. et al. Seleção de descritores para caracterização de germoplasma de açaizeiro para produção de frutos. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.41, n.7, p.1133-1140, 2006.

OLIVEIRA, E.J. et al. Selection of the most informative morphoagronomic descriptors for cassava germplasm. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, Brasília, v.49, n.11, p.891- 900, 2014.

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

PADILHA, H.K.M. et al. Morphological diversity and entropy of peppers (*Capsicum baccatum* and *Capsicum chinense*, Solanaceae). **Internacional Journal of Current Research**, v.8, p. 42758 – 42766,2016.

PEREIRA, A.V.et al. Selection of botanical and agronomical descriptors for the characterization of cassava (*Manihot esculenta* Crantz.) germplasm. **Revista Brasileira de Genética**, v.15, n.1, p.115-124, 1992.

PIMENTEL, G.F. **Curso de estatística experimental**. 15. ed. Piracicaba: FEALQ, 2009. 451p.

R CORE TEAM(2013). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>.

RÊGO, E.R.et al. Genetic diversity analysis of peppers: a comparison of discarding variable methods. **Crop Breeding and Applied Biotechnology**, v. 3, n. 1, p. 19-26, 2003.

RENYI, A. **On measures of entropy and information**. Fourth Berkeley Symposium, Berkeley, 1960. p. 547-561.1961

RESTREPO, E.F.; VALLEJO, F.A. Diversidad genética del tomate cultivado tipo “chonto”, *Lycopersicon esculentum* Mill, en las zonas productoras de Colombia. **Acta Agronómica**, v. 52, n.1, p.11–17, 2003.

THE ROYAL HORTICULTURAL SOCIETY. RHS colour chart. London: 2001. (4 fan).

SÁ, M. S. et al. Antimalarial activity of physalins B, D, F e G. **Journal of Natural Products**, v. 74, n. 10, p. 2269- 2272, 2011.

SILVA, M. T. G.; et al. Studies on antimicrobial activity, *in vitro*, of *Physalis angulata* L. (Solanaceae) fraction and physalin B bringing out the importance of assay determination. **Mem Inst Oswaldo Cruz**, v. 100, n.7, p. 779-782, 2005.

SILVA, A. H. B. **Seleção e variabilidade genética para caracteres qualitativos e quantitativos em progênie de *Physalis angulata* L. (Solanaceae)**. 2007. 76 f. Dissertação (Mestrado em Botânica), Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana.

SILVA, W.C.J.et al. Identification of minimum descriptors for characterization of *Capsicum spp.* germplasm. **Horticultura brasileira**, v.31, n. 2, p. 190- 202, 2013.

SILVA, R.S. et al. Selection of morphoagronomic descriptors for the characterization of accessions of cassava of the Eastern Brazilian Amazon. **Genetics and Molecular Research**, v.16, n.2, 2017.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

SOARES, M. B. P. et al. Physalins B, F and G, seco-steroids purified from *Physalis angulata* L., inhibit lymphocyte function and allogeneic transplant rejection. **Int. Immunopharmacol**, v. 6, n.13, p. 408-414, 2006.

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.

THORNTHWAITE, C. W.; MATHER, J. R. **The water balance**. Centerton, NJ: Drexel Institute of Technology - Laboratory of Climatology, 1955. 104p. (Publications in Climatology, vol. VIII, n.1).

TOMASSINI, T.C.B. et al. Gênero *Physalis*- uma revisão sobre vitaesteróides. **Química Nova**,v.23, n.1, p.47-57, 2000.

TORRES FILHO, J. **Caracterização morfo-agronômica, seleção de descritores e associação entre a divergência genética e a heterose em meloeiro**. 2008. 150 f. Tese (Doutorado em Fitotecnia) – Universidade Federal Rural do Semi-Árido, Mossoró.

VENCOVSKY, R.; BARRIGA, P. **Genética biométrica no fitomelhoramento**. Ribeirão Preto: Sociedade Brasileira de Genética, 1992. 496p.

VIEIRA, E. A. et al. Variabilidade genética do banco de germoplasma de mandioca da Embrapa cerrados acessada por meio de descritores morfológicos. **Científica**, v. 36, n. 1, p. 56-67, 2007.

## CAPÍTULO 2

**DIVERGÊNCIA GENÉTICA ENTRE ACESSOS DE *Physalisangulata* L.**

## RESUMO

*Physalis angulata* L. é uma espécie de grande importância econômica devido às suas propriedades medicinais. Considerando que a utilização dos recursos genéticos de forma prática e consciente está relacionada às ações de caracterização e avaliação do germoplasma disponível, é notória a importância de estudos visando o conhecimento sobre a variabilidade genética. Dessa forma, o objetivo deste estudo foi avaliar a divergência genética entre seis acessos de *P. angulata*, do Banco de Germoplasma da UEFS, por meio de caracteres qualitativos e quantitativos. As avaliações foram realizadas com o uso de 14 descritores morfoagronômicos, sendo oito descritores quantitativos e seis descritores qualitativos. O estudo da divergência genética foi realizado para cada conjunto de dados. A partir de cada uma das matrizes de dissimilaridade, a divergência genética foi avaliada utilizando-se o método de otimização de Tocher e o método de ligação média entre grupos (UPGMA). A análise de agrupamento entre os seis acessos, pelo método de ligação média entre grupos, com base nos caracteres quantitativos, caracteres qualitativos e na análise conjunta, possibilitou a formação de dois grupos para cada conjunto de dados respectivamente. Verificou-se que, apesar das semelhanças entre os agrupamentos, pelos métodos UPGMA e Tocher, ocorreram alterações nos acessos constituintes de cada grupo quando se compara os dois métodos. No grupo de acessos de *P. angulata* avaliados existe variabilidade genética para os caracteres quantitativos e qualitativos.

**Palavras-chave:** Fisalis. Recursos genéticos. Melhoramento genético. Distância genética.

## ABSTRACT

*Physalis angulata* L. is a species of great economic importance due to its medicinal properties. Considering that the use of genetic resources in a practical and conscious way is related to the characterization and evaluation actions of the available germplasm, the importance of studies aiming at the knowledge about the genetic variability is well known. Thus, the objective of this study was to evaluate the genetic divergence among six accessions of *P. angulata*, from the Bank of Germplasm of the UEFS, by means of qualitative and quantitative traits. The evaluations were performed with the use of 14 morphoagronomic descriptors, being eight quantitative descriptors and six qualitative descriptors. The study of genetic divergence was performed for each dataset. From each of the dissimilarity matrices, the genetic divergence was evaluated using the Tocher optimization method and the mean linkage method between groups (UPGMA). The clustering analysis between the six accessions, by the method of average link between groups, based on quantitative characters, qualitative characters and in the joint analysis, allowed the formation of two groups for each set of data respectively. It was verified that, despite the similarities between the groupings, the UPGMA and Tocher methods, changes occurred in the constituent accesses of each group when comparing the two methods. In the group of accesses of *P. angulata* evaluated there is genetic variability for the quantitative and qualitative characters.

**Keywords:** *Physalis*. Genetic resources. Genetical enhancement. Genetic distance.



## 1 INTRODUÇÃO

*Physalisangulata* L. pertence à família Solanaceae e está distribuída nas regiões tropicais e subtropicais do mundo (SULTANA, 2008). Essa espécie é de grande importância econômica devido às suas propriedades medicinais (MAHALAKSHMI; RAMESH, 2014). Estudos fitoquímicos revelaram a presença de fisalinas que agem sobre diferentes espécies de *Leishmania* (GUIMARÃES et al., 2010). A espécie também mostra boas atividades antibacterianas e antifúngicas (OSHO et al., 2010). Além disso, é utilizada no tratamento contra várias doenças, como inflamações da bexiga, do baço e do fígado (PINTO et al., 2010), sedativo (AGRA et al., 2007), depurativo, anti-reumático, alívio da dor de ouvido, diabetes e hepatite (LAWAL et al., 2010), asma (RATHORE et al., 2011), malária (RUIZ et al., 2011), câncer (HSEU et al., 2011), antipirético e antinociceptiva (BASTOS et al., 2006), antidiurético (NANUMALA et al., 2012), dor de garganta, dor abdominal e cervicite (MAHALAKSHMI; RAMESH, 2014).

Considerando que a utilização dos recursos genéticos de forma prática e consciente está relacionada às ações de caracterização e avaliação do germoplasma disponível, é evidente a importância de estudos visando o conhecimento sobre a variabilidade genética. É indispensável o conhecimento da divergência genética na definição de estratégias de conservação, caracterização e uso (SILVA et al., 2011). Esse estudo possibilita a identificação de potenciais genitores que produzam progênes com o máximo de variabilidade genética, aumentando-se a viabilidade de obtenção de indivíduos superiores. Além disso, tal conhecimento torna-se vantajoso no processo de identificação de genes de interesse (MOHAMMADI; PRASANNA, 2003).

Uma das formas para mensurar a divergência genética é o uso de descritores morfoagronômicos (PAIVA et al., 2014). A determinação da divergência genética pode ser analisada por um método específico ou por uma combinação de métodos (MOURA et al., 2010) e para isso técnicas multivariadas são utilizadas (CRUZ et al., 2004). Em espécies do gênero *Physalis* a análise multivariada é um procedimento bastante utilizado em estudos sobre a divergência genética (LAGOS, 2003; BETANCOURT et al., 2008; GONZÁLEZ et al., 2008; PALOMINO, 2010).

Dentre as técnicas multivariadas mais empregadas para a interpretação da divergência genética de uma espécie estão as análises por métodos de agrupamento (CRUZ; REGAZZI, 2001). Para a realização dessa análise, faz-se necessário a obtenção de matrizes de dissimilaridade. Por exemplo, a distância generalizada de Mahalanobis é aplicada em dados

de natureza quantitativa, a distância de Cole-Rogers para dados qualitativos e o algoritmo de Gower permite a avaliação simultânea de variáveis contínuas e categóricas (CRUZ et al., 2011), sendo potencialmente um indicador mais completo de variabilidade (ROCHA et al., 2010).

Entre os métodos de agrupamentos mais utilizados ressaltam-se os hierárquicos e os de otimização. Nos métodos hierárquicos, os acessos são agrupados por um processo que se repete em vários níveis, até que seja estabelecido um dendrograma, não havendo preocupação com o número ótimo de grupos, como exemplo o método UPGMA. Por sua vez, nos métodos de otimização, os acessos formam grupos que são mutuamente exclusivos, sendo Tocher um método de otimização bastante utilizado (CRUZ; REGAZZI, 2001;RAO,1952).

A determinação e o conhecimento da divergência genética existente em um banco de germoplasma é fundamental para sua utilização no melhoramento genético, e para que a diversidade genética seja aproveitada de forma prática faz-se necessário a caracterização mais ampla possível (VIEIRA et al., 2013). Dessa forma, tal estudo é de grande importância, pois se constitui em um elo entre a conservação e utilização eficiente dos recursos genéticos vegetais (RODRIGUEZ et al., 2005).

Portanto, o objetivo do presente estudo foi avaliar a divergência genética entre seis acessos de *P. angulata*, do Banco de Germoplasma da UEFS, por meio de caracteres qualitativos e quantitativos.

## **2. MATERIAL E MÉTODOS**

### **2.1 Área de estudo**

O experimento foi conduzido na área da Unidade Experimental Horto Florestal (12° 16' 087''S; 38° 56' 346''W; 243 m de altitude), da Universidade Estadual de Feira de Santana-UEFS, localizada em Feira de Santana, Estado da Bahia, no período de abril a setembro de 2017. Segundo a classificação climática de Koppen (1948), o clima da região é do tipo quente e úmido, já para Thorntwaite e Mather (1955) o clima do município é de sub-úmido a seco. Apresenta precipitação média anual de 848 mm e temperatura média anual de 24 °C, podendo, no verão, atingir médias mensais de 27 °C e, no inverno, de 21 °C (DINIZ; SANTOS; SANTO, 2008).

## 2.2 Material vegetal

Foram avaliados seis acessos de *P. angulata* da Coleção de Germoplasma da UEFS. Esses acessos são provenientes de coletas feitas na Bahia e Piauí, dos quais três (AN1, AN2 e AN3) já foram submetidos por Silva (2007) e Araujo (2012) a três ciclos de seleção de autofecundação (Tabela 1).

**Tabela 1:**Relação dos acessos caracterizados com as respectivas denominações, procedências, coordenadas geográficas e ano de coleta. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Acesso	Origem		
	Cidade/Estado	Coordenadas geográficas	Ano
FSA	Feira de Santana/BA	12° 26' 67"S e 38° 96' 67"O	2016
PI	Teresina/PI	05° 00' 25"S e 42° 49' 55"O	2017
CA	Candeias/BA	12° 77' 05"S e 38°46' 52"O	2016
AN1	Anguera/BA	12° 09' 04"S e 39° 14' 47"O	2005
AN2	Anguera/BA	12° 09' 04"S e 39° 14' 47"O	2005
AN3	Anguera/BA	12° 09' 04"S e 39° 14' 47"O	2005

### 2.3 Caracterização morfoagronômica

O experimento foi instalado em campo experimental, obedecendo ao delineamento em blocos casualizados com seis tratamentos (acessos) e três repetições, sendo a parcela útil constituída por seis plantas. O espaçamento utilizado foi de 1,0m entre linhas e 0,8m entre plantas. Para a formação das mudas, três sementes de cada material foram semeadas em copos descartáveis de 300 ml contendo o substrato comercial TechnsVivato. O desbaste foi realizado 15 dias após a semeadura, permanecendo as plântulas mais vigorosas. Posteriormente foram mantidas em condições de telado até o transplântio para o campo, no estágio de quatro a seis pares de folhas definitivas. A adubação foi feita de acordo com indicação para a cultura de tomateiro.

Adotou-se irrigação localizada do tipo gotejamento, e para o controle de pragas utilizou-se óleo de nim, aplicado com pulverizador manual no início do desenvolvimento das plantas.

As avaliações foram realizadas dois meses após o transplântio, com o uso de descritores morfoagronômicos, propostos pela Universidade Nacional da Colômbia (GONZÁLEZ et al. 2008), com ajuste para a espécie, mas só foram aplicados aqueles selecionados por meio dos métodos direto (JOLLIFE, 1972,1973), Singh (1981) e de entropia (RENYI, 1961). Dessa forma, foram utilizados oito descritores quantitativos e seis descritores qualitativos, totalizando 14 caracteres.

As variáveis qualitativas, HC- Hábito de crescimento, CC- Cor do caule, FMF- Forma da margem foliar, CCI- Cor do cálice imaturo, FF- Forma do fruto e CFI - Cor do fruto imaturo (CFI) foram avaliadas de acordo com a classe fenotípica dos descritores para *P.angulata*(GONZÁLEZ et al. 2008) e com base no Catálogo de cores da Royal Horticultural Society (THE ROYAL HORTICULTURAL SOCIETY, 2001). A mensuração das características quantitativas foi realizada por contagem simples e com o auxílio de paquímetro digital, fita métrica e régua, conforme a necessidade de avaliação de cada descritor. Foram eles: AP - Altura da planta (cm), DC- Diâmetro do caule (mm), FNS- Frutos norte sul, NFP- Número de frutos por planta, COLF- Comprimento da lâmina foliar (cm), LE- Comprimento do entrenó (cm), CLF- Comprimento longitudinal do fruto (mm) e CTF- Comprimento transversal do fruto (mm). Os descritores qualitativos e quantitativos foram avaliados em cinco folhas e frutos de seis plantas em cada acesso, totalizando 18 plantas avaliadas por acesso.

## 2.4 Análises estatísticas

Inicialmente os dados obtidos foram submetidos à análise de variância, e as médias foram comparadas por meio do teste de Tukey, a 5% de probabilidade. Em seguida, o estudo da divergência genética foi realizado para cada conjunto de dados. Para as variáveis quantitativas contínuas e discretas, a matriz de dissimilaridade foi obtida por meio da distância generalizada de Mahalanobis. Em relação aos dados qualitativos, a matriz de dissimilaridade foi obtida a partir do Índice de Cole Rodgers (COLE-RODGERS et al., 1997). Para a avaliação simultânea das variáveis quantitativas e qualitativas, a matriz de distância foi estimada utilizando o Algoritmo de Gower (GOWER, 1971).

A partir de cada uma das matrizes de dissimilaridade, a diversidade genética foi avaliada utilizando-se o método de otimização de Tocher (RAO, 1952) e o método hierárquico da ligação média entre grupos (UPGMA-*UnweightedPairGroupMethodwithArithmeticMean*) (SNEATH; SOKAL, 1973). Para o método de agrupamento hierárquico foi fornecido o número ótimo de grupos para cada conjunto de dados estudados com base nos critérios pseudo-t do pacote *Nbcluster* do programa R (R CORE TEAM, 2013). Posteriormente, com base na matriz de dissimilaridade genética, a validação dos agrupamentos foi determinada através do coeficiente de correlação cofenético (SOKAL; ROHLF, 1962).

A seguir, para a estimativa da significância da correlação (associação) entre as matrizes de dissimilaridades obtidas, foi utilizado o coeficiente de correlação, pelo teste t de Mantel (MANTEL, 1967).

Todas as análises estatísticas foram realizadas com o auxílio do programa R (R CORE TEAM, 2013) e Genes (CRUZ, 2013).

## 3 RESULTADOS E DISCUSSÃO

As médias dos acessos em estudo, para os oito descritores, foram comparadas pelo teste de Tukey como mostra a Tabela 2. Pode-se verificar para as variáveis altura da planta (AP), diâmetro do caule (DC), comprimento longitudinal do fruto (CLF) e comprimento transversal do fruto (CTF) a formação de um único grupo, demonstrando que os acessos não diferiram significativamente para esses descritores. Para as características frutos norte-sul (FNS), número de frutos por planta (NFP), largura da lâmina foliar (LALF) e comprimento do entrenó (CE) houve formação de mais de um grupo ao nível de 5% de significância.

**Tabela 2:** Resumo das médias aritméticas de seis acessos de *P. angulata* com oito descritores quantitativos. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

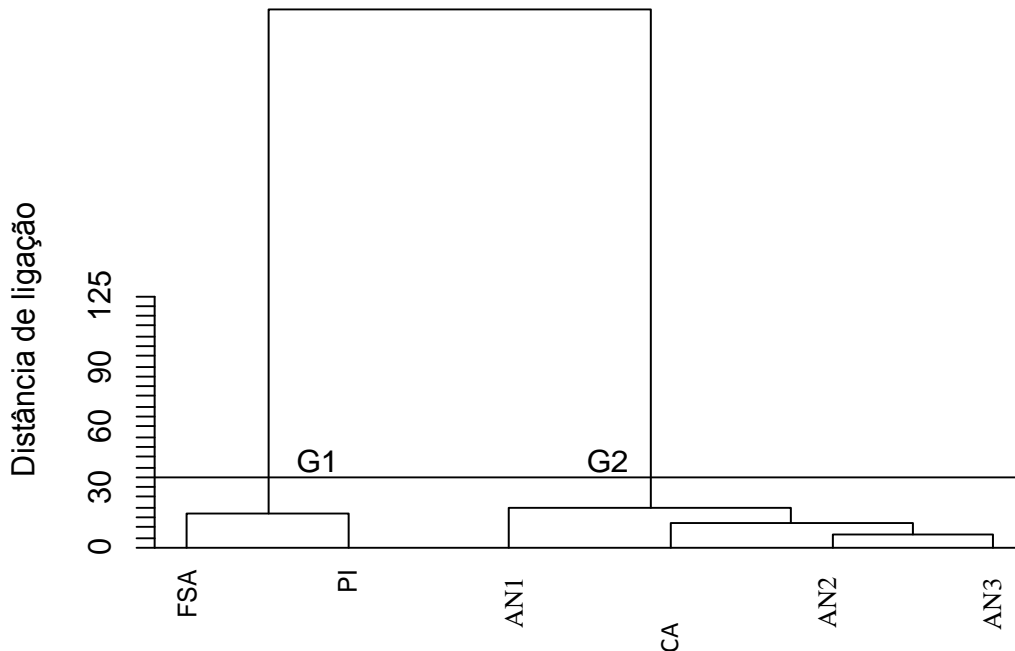
Acessos	Variáveis							
	AP	DC	FNS	NFP	LALF	CE	CLF	CTF
FSA	56,31a	21,85a	9,55a	349,49a	4,71a	5,08ab	17,89a	15,70a
PI	54,70a	22,25a	9,16 ab	318,60ab	4,53ab	5,73a	14,38a	13,87a
CA	45,58a	17,08a	6,77c	129,22bc	3,84abc	4,99ab	15,02a	13,40a
AN1	41,26a	17,45a	7,33bc	140,60bc	3,24c	4,21b	14,66a	13,29a
AN2	36,88a	15,95a	6,09c	92,14c	3,66bc	4,50ab	14,04a	13,01a
AN3	41,72a	15,77a	7,55abc	103,66c	3,58bc	3,86b	14,60a	13,46a

Médias seguidas pela mesma letra, na mesma coluna, pertencem a um mesmo grupo, pelo teste de Tukey a 5% de probabilidade de erro. AP= Altura da planta; DC= Diâmetro do caule; FNS= Frutos norte-sul; NFP= Número de frutos por planta; LALF= Largura da lâmina foliar; CE= Comprimento do entrenó; CLF= Comprimento longitudinal do fruto; CTF= Comprimento transversal do fruto.

Para a largura da lâmina foliar (LALF), o acesso FSA foi superior, diferindo dos acessos AN1, AN2 e AN3, porém não diferindo dos acessos PI e CA. Para o comprimento do entrenó (CE), o acesso PI obteve a maior média, diferindo dos acessos AN1 e AN3, entretanto, não diferindo dos acessos FSA, CA e AN2 (Tabela 2).

Com relação aos dados agrônômicos, pode ser destacado o acesso FSA que, sozinho no grupo “a”, teve a maior média para frutos norte-sul, que diferiu dos acessos CA, AN1 e AN2, porém não diferiu dos acessos PI e AN3. Para o número de frutos por planta o acesso FSA também obteve a maior média, que diferiu dos acessos CA, AN1, AN2 e AN3, mas não diferiu do acesso PI (Tabela 2). A produção de frutos, juntamente com o rendimento final da cultura são duas das principais características agrônômicas. Esses fatores são influenciados pelas características individuais de cada acesso, como o ciclo da cultura (tempo para floração, ciclo dos frutos, amadurecimento, senescência) e a interação genótipo x ambiente (PRECZENHAK et al., 2014).

A análise de agrupamento entre os seis acessos, pelo método da ligação média entre grupos, com base em oito caracteres quantitativos, através da distância generalizada de Mahalanobis, gerou a formação de dois grupos (Figura 1).



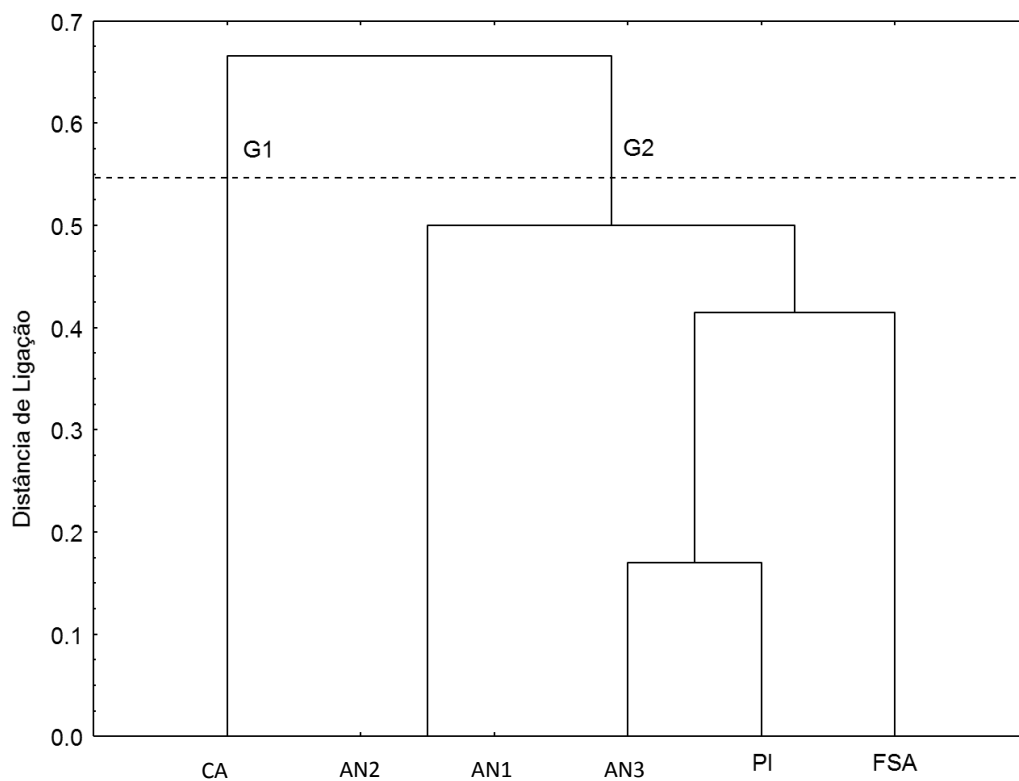
**Figura 1:** Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de *P. angulata*, resultante do agrupamento pelo método UPGMA estimado a partir da matriz de dissimilaridade com base na distância generalizada de Mahalanobis, por meio de oito variáveis quantitativas. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

O grupo I foi formado por dois acessos, FSA e PI, que se diferenciaram dos outros por apresentarem os maiores valores para altura da planta (56,31 e 54,70 cm, respectivamente), diâmetro do caule (21,85 e 22,25 mm, respectivamente) e número de frutos por planta (350 e 319, respectivamente).

O grupo II reuniu quatro acessos. Esse grupo pode ser dividido em dois subgrupos, com o subgrupo I, composto apenas pelo acesso AN1, destacando-se entre os demais por apresentar os maiores valores de diâmetro do caule (17,45 mm) e número de frutos por planta (141). O subgrupo II, representado pelos acessos, Candeias, AN2 e AN3, expressou os menores diâmetros do caule (17,08, 15,95 e 15,77 mm, respectivamente) e números de frutos por planta (129, 92 e 104 respectivamente).

Com base em seis caracteres qualitativos multicategóricos, foi obtida a matriz de dissimilaridade, e posteriormente o método de agrupamento UPGMA possibilitando a formação de dois grupos distintos (Figura 2).

As análises multivariadas que utilizam descritores qualitativos facilitam o estudo sobre a divergência genética dos indivíduos mantidos em bancos de germoplasma, gerando informações relevantes para auxiliar na conservação genética e utilização de acessos. Isso se deve ao fato de muitos descritores morfológicos qualitativos serem mais apropriados para avaliar a variabilidade genética dentro de uma espécie, pois são, em geral, pouco influenciados pelo ambiente (SILVA, 2011). Dessa forma, ao incorporar esses tipos de descritores em uma análise multivariada de agrupamento, foi possível descrever de outra maneira os acessos da coleção estudada.



**Figura 2:** Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de *P. angulata*, resultante do agrupamento pelo método UPGMA estimada a partir da matriz de dissimilaridade com base na distância de Cole-Rogers por meio de seis variáveis qualitativas. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

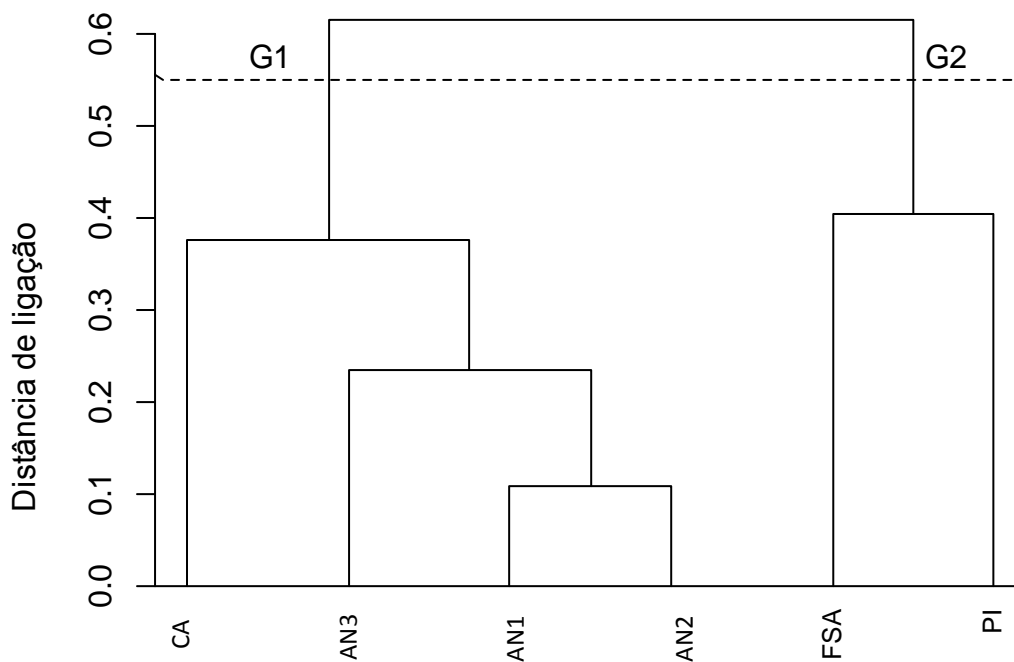
O acesso CA, formou um único grupo, destacando-se dos demais por possuir forma da margem foliar ondulada. O grupo II reuniu cinco acessos. Esse grupo pode ser dividido em dois subgrupos, em que o subgrupo I, constituído pelos acessos AN1 e AN2, apresentou cor do caule verde. O subgrupo 2, formado pelos acessos, AN3, PI e FSA caracterizou-se pela cor do caule púrpura, forma da margem foliar serrada e forma do cálice globoso.

A análise conjunta das variáveis qualitativas e quantitativas expressa através da metodologia proposta por Gower (1971) possibilitou a formação de dois grupos (Figura 3),



sendo o Grupo I formado por quatro acessos (CA, AN3, AN1 e AN2) e o Grupo II formado por dois acessos (FSA e PI). O gráfico dos dendrogramas, segundo Bertan et al. (2006), deve representar com boa precisão a sua matriz original. Desta forma, o método hierárquico UPGMA obteve um CCC de alta magnitude (0,88).

Embora o número de grupos formados tenha sido semelhante ao observado quando da avaliação individual dos dados quantitativos e qualitativos, pode-se observar que ocorreu mudança de ordem dos acessos dentro dos grupos. Segundo Gomes (2007), a distribuição diferenciada dos acessos nos grupos, mesmo quando o número de grupos formados é o mesmo, indicam discordância entre os procedimentos de agrupamentos realizados. Assim, as inferências em relação à diversidade, entre os seis acessos de fisalis, do Banco de Germoplasma da UEFS com base em cada conjunto de caracteres (quantitativo e qualitativo), não podem ser extrapoladas às de outro conjunto.



**Figura 3:** Dendrograma de dissimilaridade genética entre seis acessos de *P. angulata*, resultante do agrupamento pelo método UPGMA estimada a partir da matriz de dissimilaridade da distância genética, com base no algoritmo de Gower (1971), através de oito variáveis quantitativas e seis qualitativas. UEFS. Feira de Santana, 2018.

Nos métodos de otimização, a alocação dos acessos tem como objetivo formar grupos mutuamente exclusivos (CRUZ et al., 2004). Dessa forma, o método de otimização de Tocher aliado ao método UPGMA, confere maior eficiência em discriminar os acessos quanto as suas distâncias genéticas (NARDINO et al., 2017).

O método de otimização de Tocher, com base em oito caracteres quantitativos através da distância generalizada de Mahalanobis, proporcionou a formação de três grupos distintos, onde o grupo I formou o maior número de acessos, representado por três genótipos (AN2, AN3 e CA), seguido do grupo II (FSA e PI) com dois indivíduos e III com um indivíduo (AN1) (Tabela 3). O dendrograma e o agrupamento pelo método de Tocher concordaram quanto à separação dos acessos FSA e PI em um único grupo em relação aos demais acessos (Tabela 3 e Figura 1).

**Tabela 3:** Agrupamento de seis acessos de *P. angulata*, pelo método de Tocher, com base na distância generalizada de Mahalanobis ( $D^2$ ), considerando oito caracteres quantitativos. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Grupo	Acessos		
<b>I</b>	AN2	AN3	CA
<b>II</b>	FSA	PI	
<b>III</b>	AN1		

A partir da matriz de distâncias entre as variáveis qualitativas, os acessos foram reunidos em dois grupos pelo método de otimização de Tocher. Formou-se o grupo I composto pela maioria dos acessos (AN2, AN3, PI e AN1) e o grupo II por dois acessos (CA e FSA). Observa-se que ambos os métodos (UPGMA e Tocher) foram parcialmente concordantes quanto à dissimilaridade genética entre o conjunto de acessos, com a formação do mesmo número de grupos. No entanto, foi observado que a maior proporção dos acessos foi alocada no primeiro grupo, apenas no método de otimização de Tocher.

**Tabela 4:** Agrupamento de seis acessos de *P. angulata*, pelo método de Tocher, com base na distância de Cole-Rogers, considerando seis caracteres qualitativos. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Grupo	Acessos			
<b>I</b>	AN2	AN3	PI	AN1
<b>II</b>	CA	FSA		

Para a análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos, no agrupamento pelo método de otimização de Tocher, ocorreu a formação de dois grupos, o grupo I constituído de quatro acessos (AN2, AN3, PI e AN1) e o grupo II formado por dois acessos (CA e FSA).

Verifica-se que, apesar da estrutura final mostrar-se semelhante, entre os métodos UPGMA e Tocher, ocorreram alterações nos acessos constituintes de cada grupo quando se compara os dois métodos.

**Tabela 5:** Agrupamento de seis acessos de *P. angulata*, pelo método de Tocher, com base no algoritmo de Gower (1971), através de oito variáveis quantitativas e seis qualitativas. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

Grupo	Acessos			
I	AN2	AN3	PI	AN1
II	CA	FSA		

Ambos os métodos (Tocher e UPGMA) foram parcialmente concordantes no que diz respeito à divergência genética dos demais acessos. Sudré et al. (2005) aplicando variáveis canônicas, projeção das distâncias no plano, método do vizinho mais próximo e método de otimização de Tocher encontraram pequenas diferenças na formação de grupos de acessos de pimentas e pimentões de acordo com o método utilizado. As diferenças encontradas, entre os métodos, podem ser explicadas pela maneira diferente que cada método realiza o cálculo de variabilidade genética (BUTTOW et al., 2010).

Considerando-se que os acessos alocados nos últimos grupos quando comparados com os primeiros grupos revelam maior divergência. Alguns cruzamentos podem ser sugeridos, seguindo-se o princípio de se cruzar os acessos mais distantes e com melhores características (SUDRÉ et al., 2005; ABREU et al., 2002). Baseado nos grupos formados, bem como no desempenho de seus acessos, sugere-se que tanto o cruzamento entre os acessos dos *clusters* de dissimilaridade I e II, pertinentes à análise de Tocher, quanto entre os acessos dos agrupamentos 1 e 2, relativos à técnica UPGMA, poderiam proporcionar os melhores resultados, pois foram dissimilares e apresentaram média elevada para as características avaliadas.

Através do emprego dos diferentes critérios de agrupamento, é possível identificar a existência de agrupamento natural dos acessos, em função da similaridade genética do germoplasma avaliado. No entanto, a utilização de mais de um método de agrupamento, em virtude das diferenças na hierarquização, otimização e ordenação dos grupos, permite que a classificação deles se complemente em função dos critérios que cada técnica utiliza, e impede que inferências errôneas sejam adotadas na alocação de materiais, dentro de um determinado grupo de acessos (ARRIEL et al., 2006).

Para cada par de matrizes de dissimilaridade, obtidas com base nos grupos de caracteres, foi estimado o coeficiente de correlação (Tabela 6), pelo teste t de Mantel (MANTEL, 1967). Dentre as matrizes de distância/dissimilaridade estimadas, a correlação entre as matrizes de distâncias por descritores qualitativos e variáveis quantitativas foi não significativa e de magnitude 0,15. A matriz de dissimilaridade genética estimada por meio da análise conjunta de caracteres quantitativos e qualitativos revelou correlação significativa e de magnitude 0,70 com a matriz de dados quantitativos e matriz de dados qualitativos.

**Tabela 6:** Coeficientes de correlação (r) entre matrizes de dissimilaridade, a partir de dados de caracteres quantitativos, caracteres multicategóricos (qualitativos) e dados analisados simultaneamente pelo Algoritmo de Gower. UEFS. Feira de Santana, BA, 2018.

<b>Matrizes correlacionadas</b>	<b>r</b>
Quantitativos (Mahalanobis) x Qualitativos (Cole-Rogers)	0,15 ns
Qualitativos (Cole-Rogers) x Matriz conjunta (Gower)	0,70**
Quantitativos (Mahalanobis) x Matriz conjunta (Gower)	0,70**

\*\* Significativo a 1% de probabilidade, pelo teste t e pelo teste de Mantel, baseado em 10000 simulações.

Vieira et al. (2008) estudando a divergência genética entre acessos de mandioca açucarados e não açucarados, através de marcadores moleculares, caracteres quantitativos e qualitativos, obtiveram correlações de magnitude 0,58 e 0,50 entre marcadores morfoagronômicos quantitativos para com os marcadores morfoagronômicos qualitativos e moleculares, respectivamente, enquanto a correlação entre os marcadores morfoagronômicos qualitativos e moleculares foi de 0,83. De acordo com esses autores, a elevada associação entre os marcadores moleculares e os descritores morfoagronômicos qualitativos e a baixa estimativa de correlação entre ambos para com os marcadores morfoagronômicos quantitativos pode ser explicada pelo fato de grande parte da variação detectada pelos marcadores moleculares e características qualitativas avaliadas serem do tipo não adaptativo e, portanto, não sujeita à seleção (natural e artificial), ao contrário das características quantitativas, que estão sujeitas à seleção natural e artificial.

Vieira et al. (2013) avaliaram a variabilidade genética entre acessos de mandioca do tipo industrial, por meio de marcadores moleculares e morfoagronômicos, e obtiveram correlação de 0,52 e 0,75 entre a análise conjunta para os marcadores morfoagronômicos

qualitativos e moleculares, respectivamente, enquanto a correlação entre a análise conjunta e os marcadores morfoagronômicos quantitativos foi de 0,15. Segundo esses autores tal diferença na associação entre as matrizes provavelmente tenha por base o fato de ter sido utilizado na análise conjunta um número maior de marcadores RAPD (70) do que de caracteres quantitativos (13) e caracteres qualitativos (26), demonstrando que a análise conjunta de dados é mais eficiente quanto mais balanceado for o número de caracteres/marcadores disponíveis entre as diferentes ferramentas de acesso a variabilidade genética disponíveis.

Infere-se, portanto, que por o número de variáveis qualitativas e quantitativas estarem em equilíbrio, essas tiveram a mesma influência no agrupamento da análise conjunta, com uma correlação de 0,70, evidenciando que a análise simultânea de dados pode ser uma importante ferramenta para reunir conjuntamente as informações independentemente de sua natureza, em uma só análise.

De acordo com Martins et al. (2011) a decisão de qual grupo de variáveis utilizar para determinação da divergência genética e de qual medida de dissimilaridade adotar, depende do objetivo do estudo. Marimet al. (2009) afirmam que a utilização de caracteres multicategóricos é prática, econômica e demanda menor tempo, em comparação a caracteres quantitativos. Em diversas culturas, caracteres quantitativos, mesmo sendo de difícil mensuração, têm sido preferidos em estudos de diversidade por apresentar importância econômica (GOMES, 2007).

A análise conjunta dos dados quantitativos e qualitativos permite a unificação de todas as informações, proporcionando maior eficiência na determinação da divergência genética entre os acessos de uma coleção e constituindo-se em alternativa viável e ferramenta importante para o conhecimento do germoplasma (MOURA et al., 2010).

Os resultados desse estudo possibilitaram verificar variabilidade genética existente entre os acessos de *P. angulata* do banco de germoplasma da UEFS. Logo, os conjuntos de descritores quantitativos e qualitativos, são importantes para estudos de divergência genética de determinada população de indivíduos. Esses resultados serão utilizados como ferramenta para subsidiar o programa de melhoramento genético de fisális da UEFS. No entanto, devem ser realizados novos trabalhos de caracterização e novas coletas, a fim de diversificar e ampliar as possibilidades de uso do germoplasma da espécie.

#### 4 CONCLUSÕES

No grupo de acessos de *P.angulata* avaliados existe variabilidade genética para os caracteres quantitativos e qualitativos.

Combinações promissoras são esperadas dos cruzamentos artificiais entre os acessos dos *clusters* de dissimilaridade I e II, pertinentes à análise de Tocher, quanto entre os agrupamentos 1 e 2, relativos à técnica UPGMA, em razão da maior dissimilaridade apresentada e do melhor desempenho médio dos acessos.

## 5 CONCLUSÃO GERAL

A lista de descritores mínimos para a caracterização de acessos de *P. angulata* pode ser constituída por oito descritores quantitativos, altura da planta, diâmetro do caule, frutos norte-sul, número de frutos por planta, comprimento da lâmina foliar, comprimento do entrenó, comprimento longitudinal do fruto e comprimento transversal do fruto e seis qualitativos, hábito de crescimento, cor do caule, forma da margem foliar, cor do cálice imaturo, forma do fruto e cor do fruto imaturo.

O descarte de 58,82% dos descritores não ocasiona perdas significativas de informação, minimiza custos e dinamiza a caracterização do germoplasma de *P. angulata*.

No grupo de acessos de *P. angulata* avaliados existe variabilidade genética para os caracteres quantitativos e qualitativos.

Combinações promissoras são esperadas dos cruzamentos artificiais entre os acessos dos *clusters* de dissimilaridade I e II, pertinentes à análise de Tocher, quanto entre os agrupamentos 1 e 2, relativos à técnica UPGMA, em razão da maior dissimilaridade apresentada e do melhor desempenho médio dos acessos.

## REFERÊNCIAS

- ABREU, F.B. et al. Divergência genética entre acessos de tomateiro do Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV, baseada em descritores de fruto. **Horticultura Brasileira**, v.20, n.2, 2002.
- AGRA, M. et al. Medicinal and poisonous diversity of the flora of “CaririParaibano”, Brazil. **Journal of Ethnopharmacology**, v.111, n.2, p. 383-395, 2007.
- ARAUJO, F.L. **Estudo genético e citogenético do gênero *Physalis***. 2012. 69 f. Dissertação (Mestrado em Recursos Genéticos Vegetais), Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana.
- ARRIEL, N.H. et al. Técnicas multivariadas na determinação da diversidade genética em gergelim usando marcadores RAPD. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 41, n.5, p. 801-809. 2006.
- BASTOS, G.N. et al. Antinociceptive effect of the aqueous extract obtained from roots of *Physalis angulata* L. on mice. **Journal of Ethnopharmacology**, v.103, n.2, p.241-245, 2006.
- BERTAN, I. et al. Comparação de métodos de agrupamento na representação da distância morfológica entre genótipos de trigo. **Revista Brasileira de Agrociência**, v.12, p.279-286, 2006.
- BETANCOURT, M.L.B. et al. Caracterización morfológica de 24 accesiones de uchuva del banco de germoplasma de la Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. **Acta Agronómica**, v.57, n.2, p.101- 108, 2008.
- BUTTOW, M.V. et al. Diversidade genética entre acessos de pimentas e pimentões da Embrapa Clima Temperado. **Ciência Rural**, vol. 40, n. 6, p. 1264-1269, 2010.
- COLE-RODGERS, P. et al. A novel statistical approach to analyze genetic resource evaluations using *Capsicum* as an example. **Crop Science**, v. 37, n. 3, p. 1000-1002, 1997.
- CRUZ, C. D.; REGAZZI, A. J. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento Genético**. Viçosa: UFV, 2001. 390p.
- CRUZ, C.D. et al. **Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético**. 3. ed. Viçosa: UFV, 2004. 480 p.
- CRUZ, C.D. et al. **Biometria aplicada ao estudo da diversidade genética**. Visconde do Rio Branco: Suprema, 2011. 620p.
- 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
- DINIZ, A. F.; SANTOS, R. L.; SANTO, S. M. Avaliação dos riscos de seca para o município de Feira de Santana-BA associado à influência do *el niño* no semi-árido do nordeste brasileiro. **Geografia's**, n. 1, p. 18 – 24, 2008.



- GOMES, C.N. **Caracterização morfo- agronomica e diversidade genética em mandioca *Manihotesculenta* Crantz.** 2007. 72 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas) – Universidade Federal de Lavras, Lavras.
- GONZÁLEZ, O.T. et al. Caracterización morfológica de cuarenta y seis accesiones de uchuva (*Physalis peruviana* L.), en Antioquia (Colombia). **Revista Brasileira de Fruticultura**, v.30, n.3, p.708-715, 2008.
- GOWER, J.C. A general coefficient of similarity and some of its properties. **Biometrics**, v. 27, n. 4, p. 857-874, 1971.
- GUIMARÃES, E. T. et al. Effectsof seco-steroids purified from *Physalis angulata* L., Solanaceae, on the viability of *Leishmania* sp. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 20, n. 6, p. 945–949, 2010.
- HSEU, Y. et al. Inhibitory effects of *Physalisangulata* on tumor metastasis and angiogenesis. **JournalofEthnopharmacology**, v.135, n.3, p.762-771, 2011.
- JOLLIFFE, I.T. Discarding variables in a principal component analysis. I: Artificial data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v.21, n.2, p.160-173, 1972.
- JOLLIFFE, I. T. Discarding variables in a principal component analysis.II: Real data. **Journal of the Royal Statistical Society Series C - Applied Statistics**, v. 22, n.1, p. 21-31, 1973.
- KOPPEN, W. **Climatologia: con un estudio de los climas de la tierra.** Fondo de Cultura Econômica. México, 1948. 479 p.
- LAGOS, T. et al. Caracterización morfológica de la colección Nariño de uvilla o uchuva *Physalis peruviana* L. **Fitotecnia Colombiana**, v3, n.2,p. 1-9.2003.
- LAWAL,I. et al.Ethno medicinal information on collation and identification of some medicinal plants in Research Institutes of South-west Nigeria. **African Journal of Pharmacy and Pharmacology**, v. 4, n.1,p.1-7, 2010.
- MAHALAKSHMI, A.M.; RAMESH, B.N. *Physalisangulata* L.: An ethanopharmacological review. **Indo American JournalofPharmaceuticalResearch**,v.4, n.3, p.1479-1486, 2014.
- MANTEL, N. The detection of disease clustering and a generalized regression approach. **Cancer Research**, v. 27, n. 02, p. 209-220, 1967.
- MARIM, B.G.et al. Variabilidade genética e importância relativa de caracteres em acessos de germoplasma de tomateiro. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.44, n.10, p.1283-1290, 2009.
- MARTINS, F. A. et al. Integrationof data in studiesofgeneticdiversityoftomato. **PesquisaAgropecuáriaBrasileira**. v.46, n11, p.1496-1502, 2011.
- MOHAMMADI, S. A.; PRASANNA, B. M. Analys is of genetic diversity in crop plants: salient statistical tools and considerations. **Crop Science**, v.43, n. 4, p. 1.235-1.248, 2003.

- MOURA, M. C. C. L. et al. Algoritmo de Gower na estimativa da divergência genética em germoplasma de pimenta. **Horticultura Brasileira**, v. 28, n. 2, p. 155-161, 2010.
- NANUMALA, S.K. et al. Evaluations of diuretic activity of methanolic extract of *Physalisangulata* L. leaves. **International Journal of Pharmaceutical Sciences Review and Research**, v.16, n.2, p. 40-42, 2012.
- NARDINO, M. et al. Divergência genética entre genótipos de milho (*Zea mays* L.) em ambientes distintos. **Revista de Ciências Agrárias**, v.40, n.1, p. 164-174, 2017.
- OSHO, A. et al. Antimicrobial activity of essential oils of *Physalisangulata* L. **African Journal of Traditional, Complementary and Alternative Medicines**, v.7, n.4, p.303- 306. 2010.
- PAIVA, C.L. et al. Diversidade genética de espécies do gênero *Passiflora* com o uso da estratégia Ward-MLM. **Revista Brasileira de Fruticultura**, v. 36, n. 2, p. 381 – 390, 2014.
- PALOMINO, C.E.M. **Caracterización morfológica de accesiones de *Physalis peruviana* L. del banco de germoplasma de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira**. 2010. 70 f. Tese (Doutorado em Ciências)- Universidad Nacional de Colombia, Palmira.
- PINTO, N. et al. Topical anti-inflammatory potential of physalin E from *Physalisangulata* on experimental dermatitis in mice. **Phytomedicine**, v.17, n.10, p.740-743, 2010.
- PRECZENHAK, A. P. et al. Caracterização agrônômica de genótipos de minitomate. **Horticultura Brasileira**. v. 33, n. 2, p. 348-356, 2014.
- RAO, R.C. **Advanced statistical methods in biometric research**. New York: J. Wiley, 1952. 330p
- RATHORE, C. et al. Antiasthmatic activity of the methanolic extract of *Physalisangulata* Linn. **Journal of Medicinal Plants Research**, v.5, n.22, p.5351-5355, 2011.
- R CORE TEAM (2013). **R: A language and environment for statistical computing**. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. URL <http://www.R-project.org/>.
- RENYI, A. **On measures of entropy and information**. Fourth Berkeley Symposium, Berkeley, 1960. p. 547-561. 1961
- ROCHA, M. G. et al. Uso do algoritmo de Gower na determinação da divergência genética entre acessos de tomateiro do grupo cereja. **Acta Scientiarum Agronomy**, v. 32, n. 3, p. 402-406, 2010.
- RODRÍGUEZ, V.M. et al. The nabicol: a horticultural crop in northwestern Spain. **Euphytica**, v.142, n.3, p. 237-246, 2005.
- RUIZ, L. et al. Plants used by native Amazonian groups from the Nanay River (Peru) for the treatment of malaria. **Journal of Ethnopharmacology**, v.133, n.2, p.917-921, 2011.
- SILVA, A. H. B. **Seleção e variabilidade genética para caracteres qualitativos e quantitativos em progênie de *Physalis angulata* L. (Solanaceae)**. 2007. 76 f. Dissertação (Mestrado em Botânica), Universidade Estadual de Feira de Santana, Feira de Santana.

SILVA, V. B. et al . Genetic diversity for lima bean samples. **Annual Report of the Bean Improvement Cooperative**, v. 54, p. 202-203, 2011.

SILVA, R.N.O. **Diversidade genética em feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.) por marcadores morfoagronômicos e moleculares**. 2011. 175 f. Dissertação (Mestrado em Genética e Melhoramento de Plantas)- Universidade Federal do Piauí, Teresina.

SINGH, D. The relative importance of characters affecting genetic divergence. **The Indian Journal of Genetic and Plant Breeding**, v. 41, n. 1, p. 237-245, 1981.

SNEATH, P. H.; SOKAL, R. R. **Numerical taxonomy: The principles and practice of numerical classification**. San Francisco: W.H. Freeman, 1973. 573p.

SOKAL, R.R.; ROHLF, F.J. The comparison of dendrograms by objective methods. **Taxon**, v.11, n.2, p. 30-40, 1962.

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.

SULTANA, N. et al. *Physalisangulata* L. (Solanaceae) – A new angiospermic record for Bangladesh. **Bangladesh Journal of Botany**, v.37, n.2, p.195-198, 2008.

THE ROYAL HORTICULTURAL SOCIETY. RHS colour chart. London: 2001. (4 fan).

THORNTHWAITE, C. W.; MATHER, J. R. **The water balance**. Centerton, NJ: Drexel Institute of Technology - Laboratory of Climatology, 1955.104p. (Publications in Climatology, vol. VIII, n.1).

VIEIRA, E. A. et al. Divergência genética entre acessos açucarados e não açucarados de mandioca. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v.43, n.12, p. 1707-1715, 2008.

VIEIRA, E.A. et al. Caracterização fenotípica e molecular de acessos de mandioca de indústria com potencial de adaptação às condições do Cerrado do Brasil Central. **Semina: Ciências Agrárias**, v.34, n.2, p.567-582, 2013.