

<https://doi.org/10.5016/1984-5529.2025.v53.1477>

Estudo de divergência genética em genótipos de *Capsicum annuum* L. utilizando métodos de agrupamento

Study of genetic divergence in *Capsicum annuum* L. genotypes using clustering methods

Thaynara Aparecida de SOUZA NETO^{1*}; Paulo Roberto CECON²; Ana Carolina Ribeiro de OLIVEIRA³; Sebastião Martins FILHO⁴; Wellington Souto RIBEIRO⁵

¹Autor para correspondência: Discente; Universidade Federal de Viçosa; Departamento de Estatística; Avenida PH Rolfs, s/n - Viçosa - MG, 36570900; thaynara.neto@ufv.br;

²Professor Titular do Departamento de Estatística (DET/UFV); Universidade Federal de Viçosa; Departamento de Estatística; Avenida PH Rolfs, s/n - Viçosa - MG, 36570900; cecon@ufv.br;

³Doutora em Estatística Aplicada e Biometria; Universidade Federal de Viçosa; Departamento de Estatística; Avenida PH Rolfs, s/n - Viçosa -MG, 36570900; ana.carolina8@outlook.com.br ;

⁴Professor Titular do Departamento de Estatística (DET/UFV); Universidade Federal de Viçosa; Departamento de Estatística; Avenida PH Rolfs, s/n - Viçosa - MG, 36570900; martinsfilho@ufv.br;

⁵Professor do Departamento de Agronomia (DAA/UFV); Universidade Federal de Viçosa; Departamento de Agronomia; Avenida PH Rolfs, s/n - Viçosa - MG, 36570900; wellington.souto@ufv.brutor

Recebido em: 11-09-2023; Aceito em: 07-04-2025

Resumo

A *Capsicum annuum* L. é a espécie mais cultivada e economicamente importante do gênero e, por tal motivo, estudos em divergência genética são indispensáveis. Sendo assim, os objetivos foram avaliar os genótipos mais promissores para a divergência genética, utilizando métodos de agrupamento hierárquicos e verificar quais os caracteres mais importantes no estudo dos genótipos de *C. annuum* L. O experimento foi conduzido em casa de vegetação do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa, no delineamento inteiramente casualizado com quatro repetições, sendo avaliados nove genótipos de *C. annuum* L., baseados em cinco caracteres quantitativos. Os dados foram submetidos à análise de agrupamento, por meio dos métodos UPGMA e Ward, com base na distância generalizada de Mahalanobis e utilizado o critério de Singh para avaliar a importância relativa de cada caráter para a divergência genética. Os resultados indicaram que ambos os métodos apresentaram dois grupos, que ao serem validados pelo coeficiente de correlação cofenética, foram significativos e possuíram boa consistência de agrupamento. Pelo critério de Singh, os caracteres peso total de frutos por plantas e comprimento do fruto maduro foram os principais responsáveis pelo estudo de divergência genética. Além disso, os genótipos pimentão quadrado e pimenta doce italiana apresentaram os resultados mais satisfatórios para os objetivos em questão. Logo, pode-se concluir que são genótipos que contribuem para obter ganhos significativos em um programa de melhoramento e orienta cruzamentos que possuem alta variabilidade genética.

Palavras-chave adicionais: Critério de Singh; diversidade; melhoramento de *Capsicum*; upgma; ward.

Abstract

Capsicum annuum L. is the most cultivated and economically important species in the genus, so studies on genetic divergence are essential. Therefore, the objectives were to evaluate the most promising genotypes for genetic divergence using hierarchical clustering methods and determine which characters are most important in studying *C. annuum* L. genotypes. The experiment was conducted in a greenhouse at the Departamento de Agronomia, Universidade Federal de Viçosa, using a completely randomized design with four replications. Nine genotypes of *C. annuum* L. were evaluated based on five quantitative traits. The data were subjected to cluster analysis using the UPGMA and Ward methods, based on the Mahalanobis generalized distance, and the Singh criterion was used to assess the relative importance of each trait for genetic divergence. Therefore, the results indicated that both methods yielded two significant groups, validated by the cophenetic correlation coefficient, and showed good grouping consistency. According to the Singh criterion, the total fruit weight per plant and mature fruit length were the main traits responsible for genetic divergence analysis. Furthermore, the genotypes pimentão quadrado and pimenta doce italiana exhibited the most satisfactory results for the stated objectives. It can be concluded that these genotypes contribute to obtaining significant gains in a breeding program and guide crosses that possess high genetic variability.

Additional keywords: Singh's Criterion; diversity; *Capsicum* breeding; upgma; ward.

Introdução

O gênero *Capsicum* pertence à família Solanaceae, que engloba as pimentas e os pimentões. Existem cerca de 30 espécies deste gênero das quais as mais conhecidas e amplamente cultivadas são: *Capsicum annuum* L., *Capsicum baccatum* L., *Capsicum chinense* Jacq., *Capsicum frutescens* L., *Capsicum pubescens* Ruiz & Pav. e *Capsicum praetermissum* Heiser & PG.Sm (Zamljen et al., 2020). Pinto et al. (2014) destaca a relevância de *Capsicum* como um importante produto do agronegócio brasileiro, apresentando uma área de 3,8 milhões de hectares destinados para cultivo de e uma produção mundial de 40,9 milhões de toneladas.

Segundo Bianchi et al. (2016), as espécies deste gênero apresentam grande variabilidade em seus principais caracteres morfológicos, como forma, tamanho, coloração e posição das flores e frutos. Portanto, é um gênero que apresenta aplicações nas mais diversas vertentes: indústria de alimentos (Rosário et al., 2021); ornamental (Silva Neto et al., 2014); na medicina (Alpiovezza et al., 2015); cosmética (Pinto Júnior et

al., 2015), dentre outras. Logo, dentre as espécies desse gênero, destaca-se a *Capsicum annuum* L., que é a mais cultivada em todo mundo (Ribeiro et al., 2020), com usos variados, desde o uso para preparo de saladas e molhos até medicamentos (Cruz et al., 2018).

Mediante sua relevância, o conhecimento da diversidade genética presente entre os acessos é de grande importância para o manejo e uso do germoplasma no melhoramento genético de espécies (Bianchi et al., 2016). A diversidade genética destina-se à identificação de genitores adequados à obtenção de híbridos com maior efeito heterótico e que proporcionem maior segregação em recombinações, possibilitando o aparecimento de transgressivos (Cruz et al., 2020). Portanto, para inferir sobre a diversidade utilizam-se métodos de natureza quantitativa e de natureza preditiva. Dentre os métodos de natureza quantitativa, citam-se as análises dialélicas, em que são avaliados p genitores e todas as suas combinações híbridas e os métodos de natureza preditiva, que citam-se as análises que tomam por base as diferenças morfológicas, fisiológicas ou moleculares, quantificando-as em alguma medida de dissimilaridade que expressa o grau de divergência genética entre os genitores (Cruz et al., 2014).

Dada a sua importância, vários estudos com ênfase na predição da divergência genética são realizados, dentre os quais destaca-se a análise de agrupamento. Essa técnica implica em avaliar a capacidade de alocação ou de discriminação de indivíduos, nos seus respectivos centros de referências, com base nas variáveis avaliadas, bem como formular e testar hipóteses sobre as causas dessa aglomeração ou dispersão (Cruz et al., 2020). Para utilizar a análise de agrupamento, são utilizados alguns métodos que, de uma maneira geral, podem ser divididos em métodos hierárquicos e não-hierárquicos. Nos métodos hierárquicos, os indivíduos são reunidos em grupos e o processo repete-se em diferentes níveis até formar uma árvore; já nos não-hierárquicos, tem-se de definir o número k de grupos inicialmente e, então, alocar os n objetos aos k grupos de maneira otimizada (Regazzi & Cruz, 2020).

Diante do exposto e visto a importância que a cultura assume, a avaliação da diversidade genética faz-se de grande relevância. Assim, objetivou-se avaliar a divergência genética entre os genótipos de *C. annuum* L., por meio dos métodos de agrupamento hierárquicos, UPGMA e Ward e verificar quais dos caracteres que mais influenciam o estudo destes genótipos.

Material e métodos

O experimento foi realizado em casa de vegetação do Departamento de Agronomia da Universidade Federal de Viçosa (UFV), Viçosa, Minas Gerais, 20° 45' de latitude sul e 42° 51' de longitude oeste, com altitude média de 650 m.

Os dados foram provenientes de um experimento conduzido em delineamento inteiramente casualizado (DIC), com quatro repetições, sendo a unidade experimental constituída por uma planta. Foram avaliados nove genótipos de *Capsicum annuum* L, registrados no Banco de Germoplasma de Hortaliças da UFV (BGH/UFV) (Tabela 1), em que o grupo 1 (G1) refere-se a cinco genótipos comerciais de *C. annuum* L. com pungência e o grupo 2 (G2) refere-se a quatro genótipos comerciais de *C. annuum* sem pungência.

Tabela 1. Tabela com os nove genótipos comerciais de *Capsicum annuum* L.

Table 1. Table with the nine commercial genotypes of *Capsicum annuum* L.

Genótipos	Grupo I (♀)	Pimenta Vulcão (1)
		Pimenta Cayene (2)
		Pimenta Peter (3)
		Pimenta picante para vaso (4)
		Pimenta Jamaica Yellow (5)
	Grupo II (♂)	Pimenta Doce Italiana (6)
		Pimentão Quadrado (7)
		Pimentão Cascadura Ikeda (8)
		Pimentão Rubi Gigante (9)

As sementes foram semeadas em bandejas de isopor com 200 células, contendo substrato comercial, composto por casca de pinus, vermiculita, corretivo de acidez e macro nutrientes, no qual foram utilizadas duas sementes por célula, sendo feito desbaste após a germinação. Quando as plantas atingiram o estágio de três pares de folhas definitivas, foram transplantadas para vasos de 5 L, que passou a ser uma planta por vaso. Quando necessário, os tratos culturais de irrigação, controle de pragas e tratamento com o solo, foram realizados, de acordo com as recomendações para a cultura.

Os caracteres morfológicos selecionados para análise foram comprimento do fruto maduro (COM), peso total de frutos por planta (PT), número de sementes por frutos (NS), altura da planta (ALT) e massa da matéria total do fruto maduro fresco (MTF), que foram mensurados como descritos a seguir:

- COM: a mensuração foi realizada a partir da inserção do pedúnculo até a ponta do fruto, utilizando-se paquímetro digital, expresso em *mm*;
- PT: o fruto foi pesado em balança analítica, expresso em *g*;

- NS: obtido pela contagem do número total de sementes por fruto;
- ALT: a mensuração foi realizada com uma trena da superfície do solo até o ponto mais alto da planta, expresso em *cm*;
- MTF: após a remoção das sementes o fruto foi pesado em balança analítica, expresso em *g*.

Na utilização dos métodos de agrupamento, é necessário a escolha de uma medida de dissimilaridade, que é o termo que indica que quanto maior seu valor, menos parecidos são os indivíduos (Regazzi & Cruz, 2020). Dentre as distâncias, a escolhida foi a Distância Generalizada de Mahalanobis (1936) que, de acordo com Cruz et al. (2014), é utilizada quando há correlação entre os caracteres mensurados e que são possíveis de serem quantificadas quando as avaliações são realizadas em genótipos avaliados em delineamentos experimentais.

Os métodos de agrupamento hierárquicos utilizados foram o UPGMA (*Unweighted Pair-Group Method using Arithmetic Averages*) e Ward. Segundo Puiatti et al. (2014), o UPGMA utiliza as médias aritméticas (não ponderadas) das medidas de dissimilaridade, o que evita caracterizar a dissimilaridade por valores extremos entre os objetos considerados; enquanto o de Ward, de acordo com Ferreira (2018), é aglomerar os grupos que minimizam o incremento na soma de quadrados dentro dos grupos, ou seja, minimizar a soma de quadrados dos erros.

Para determinação de um ponto de corte no dendrograma e, por consequência, o estabelecimento do número de grupos, utilizou-se o Critério de Mojena (1977), que é um procedimento que se baseia no tamanho relativo dos níveis de fusões (distâncias) no dendrograma.

Para validação de agrupamento foi utilizado o coeficiente de correlação cofenética, que mede o grau de preservação das distâncias emparelhadas pelo dendrograma resultante do agrupamento em relação às distâncias originais (Sneath & Sokal, 1973). De acordo com Ferreira (2018), a ideia é obter a correlação entre as distâncias observadas entre os objetos e as distâncias recuperadas da análise de agrupamento.

Além disso, foi utilizado o critério proposto por Singh (1981), para quantificar a contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética.

Todas estas análises foram realizadas com o auxílio dos *softwares* computacionais R (R Core Team 2021) e Genes (Cruz, 2013).

Resultados e discussão

Inicialmente, realizou-se uma análise de variância (ANOVA) para os caracteres avaliados, a fim de verificar a significância de cada um, de acordo com a Tabela 2.

Tabela 2. Teste F da análise de variância para os caracteres comprimento do fruto maduro (COM), peso total de frutos por planta (PT), número de sementes por frutos (NS), altura da planta (ALT) e massa da matéria total do fruto maduro fresco (MTF) referentes aos nove genótipos de *Capsicum annuum* L.

Table 2. Analysis of Variance F test for the characters ripe fruit length (LEN), total fruit weight per plant (WT), number of seeds per fruit (NS), plant height (HEI), and total ripe fresh fruit mass (MTF) referring to new genotypes of *Capsicum annuum* L.

FV	GL	COM	PT	NS	ALT	MTF	F _{tab(1%)}	F _{tab(5%)}
Genótipos	8	98,0654**	277,0458**	17,0159**	7,8724**	241,4621**	3,26	2,31
Resíduo	27	-	-	-	-	-	-	-

^{ns} não significativo; * e ** significativo a 1% e 5%, respectivamente.

Pelo teste F, pode-se concluir que os cinco caracteres são estatisticamente significativos a 1% e 5%, respectivamente e assim, todos são relevantes para o estudo dos nove genótipos de *Capsicum annuum* L.

Após a ANOVA, obteve-se as estimativas das distâncias generalizadas de Mahalanobis (D_1^2). De acordo com a Tabela 3, os genótipos que apresentaram menor dissimilaridade foram os genótipos 1 e 5, com $D_1^2 = 6,000$. Por outro lado, os que apresentaram a maior dissimilaridade foram os genótipos 4 e 7, com $D_1^2 = 1061,117$.

Tabela 3. Estimativas referentes às medidas de dissimilaridade dos nove genótipos de *Capsicum annuum* L., com base na distância generalizada de Mahalanobis.

Table 3. Estimates of dissimilarity measures among the nine genotypes of *Capsicum annuum* L, based on the Mahalanobis generalized distance.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9
1	0,0								
2	73,687	0,0							
3	27,712	24,330	0,0						
4	15,959	134,115	52,887	0,0					
5	6,000	70,725	21,328	19,546	0,0				
6	541,964	305,506	370,944	634,760	459,862	0,0			
7	999,651	847,408	835,484	1061,117	858,814	231,526	0,0		
8	528,887	335,331	364,482	600,097	438,763	17,959	152,509	0,0	
9	597,738	457,023	463,065	661,033	492,784	74,650	66,211	35,265	0,0

Analisando, primeiramente, as distâncias entre cada genótipo, temos que o genótipo 7 (pimentão quadrado) possui a maior distância com os genótipos 1, 2, 3, 4 e 5, enquanto o genótipo 4 (pimenta picante para vaso) possui a maior distância com os genótipos 6, 7, 8 e 9. Tem-se, portanto, que o genótipo 4 do grupo *I* (com pungência) retornou as maiores distâncias em relação ao demais do grupo *II* (sem pungência), assim como o genótipo 7 do grupo *II* retornou as maiores distâncias em relação aos demais do grupo *I*. Desse modo, isto mostra que, se realizar cruzamentos entre genótipos de grupos diferentes, há a possibilidade de que, em futuras gerações, tenha-se a formação de genótipos superiores e conseqüentemente, uma maior diversidade, dado que quanto mais distantes, mais divergentes.

Além disso, por meio do critério proposto por Singh (1981), avaliou-se a importância relativa de cada caráter para a divergência genética. Os caracteres “peso total de frutos por plantas” e “comprimento do fruto maduro” foram os principais responsáveis pelo estudo de divergência genética dos nove genótipos de *Capsicum annuum* L. que, juntos, contribuíram com 98,59%, sendo o peso total de maior contribuição. Os demais somaram menos que 2%, conforme pode ser observado na Tabela 4.

Tabela 4. Contribuição relativa dos caracteres para a divergência genética dos nove genótipos de *Capsicum annuum* L., segundo o critério proposto por Singh (1981).

Table 4. The relative contribution of traits to the genetic divergence of the nine genotypes of *Capsicum annuum* L., according to the criteria proposed by Singh (1981).

Caracteres	Sigla	S_j	Percentual (%)
Comprimento do fruto maduro	COM	2717,73	5,70
Peso total de frutos por planta	PT	44279,86	92,89
Número de sementes por frutos	NS	519,23	1,08
Altura da planta	ALT	152,02	0,32
Massa da matéria total do fruto maduro fresco	MTF	0,0	0,0

Desse modo, além destes caracteres serem os de maior contribuição para o melhoramento dos genótipos de *Capsicum annuum* L., possuem extrema importância para o mercado, seja, por exemplo para consumo, como os de maior peso ou para ornamentação, nos que possuem um peso menor.

Após, foi realizada a análise de agrupamento que, por meio do método UPGMA, foi possível encontrar o ponto de corte no dendrograma, $\theta = 363,52$, por meio do critério de Mojena. Este valor corresponde a 60,1% da distância máxima observada nos níveis de fusão e possibilitou a separação dos genótipos em dois grupos. Já o método de Ward estabeleceu $\theta = 1389,96$ como ponto de corte, que corresponde 58,05% da distância máxima observada nos níveis de fusão, que também dividiu os genótipos em dois grupos. Por meio do dendrograma apresentado nas Figuras 1 e 2, respectivamente, pode-se observar os pontos de corte e a divisão dos grupos.

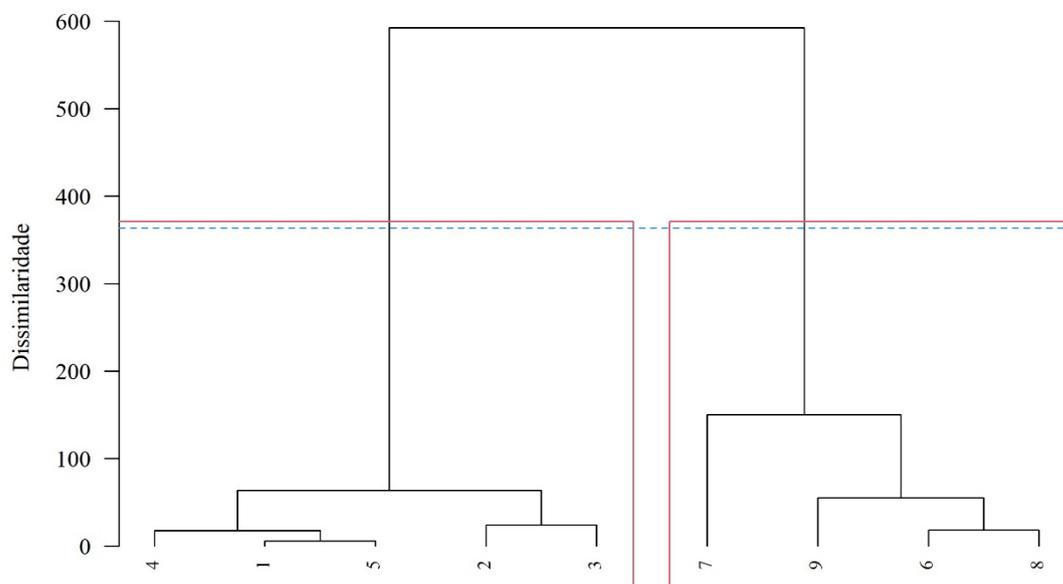


Figura 1. Dendrograma obtido por meio do método UPGMA, com a separação dos grupos e delimitado pelo ponto de corte (θ) para os nove genótipos de *Capsicum annuum* L.

Figure 1. The dendrograma was obtained using the UPGMA method, with the separation of groups delimited by the cutoff point (θ) for the nine genotypes of *Capsicum annuum* L.

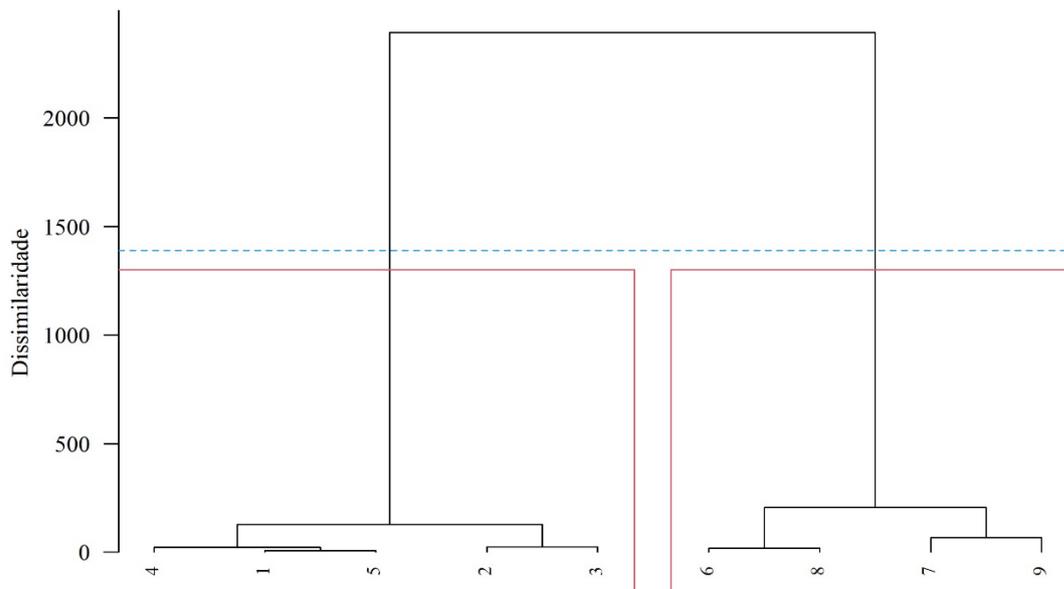


Figura 2. Dendrograma obtido por meio do método de Ward, com a separação dos grupos e delimitado pelo ponto de corte (θ) para os nove genótipos de *Capsicum annum* L.

Figure 2. The dendrogram was obtained using the Ward method, with the separation of groups delimited by the cutoff point (θ) for the nine genotypes of *Capsicum annum* L.

Embora os métodos tenham apresentado a mesma quantidade de grupos, eles possuíram um coeficiente de correlação cofenética (r_{cof}) diferente. O método UPGMA retornou um coeficiente igual a 0,8519 e o de Ward, um coeficiente igual a 0,8488. Foram realizados o teste t para verificar a significância dos agrupamentos e, em ambos, concluiu-se que são significativos. Além disso, de acordo com Vaz Patto et al. (2004), um $r_{cof} \geq 0,56$ é considerado adequado, por retratar menor distorção provocada pelo agrupamento. Logo, por serem significativos e concordarem com o critério de Vaz Patto et al. (2004), ambos se mostraram adequados e possuíram indicativo de boa representação das distâncias do dendrograma.

Em termos de divergência genética, a formação dos grupos pelos métodos de agrupamento hierárquicos confirma a afirmativa sobre as distâncias entre cada genótipo. Ao realizar cruzamentos entre os genótipos 1, 2, 3, 4 e 5 do grupo I ou entre os genótipos 6, 8, 7 e 9 do grupo II, a probabilidade é de que não haja variação genética e por consequência, não haja muita divergência. Segundo Moll et al. (1965), caso os genitores não tenham um nível ótimo, pode ser que pouca ou nenhuma diferença na heterose do cruzamento seja observada. Em contrapartida, caso realize cruzamentos entre genótipos de grupos diferentes, há grande

probabilidade de ter diversidade e, também de acordo com Moll et al. (1965), pode-se concluir que deve existir um grau ótimo de divergência para expressão máxima de heterose.

Portanto, para fins de melhoramento, realizar cruzamentos com os genótipos Pimentão quadrado ou Pimenta Doce Italiana, principalmente com genótipos de grupos diferentes, orientam ganhos significativos para um programa de melhoramento, principalmente nos caracteres “peso total de frutos por plantas” e “comprimento do fruto maduro”.

Conclusões

Por meio dos métodos de agrupamento, UPGMA e Ward, pode-se concluir que os genótipos Pimentão Quadrado e Pimenta Doce Italiana destacaram-se para o estudo de divergência genética. Eles mostraram-se de extrema importância para cruzamentos, pois além de serem bem dissimilares dos genótipos do grupo oposto, são os que oferecem ganhos significativos e alta variabilidade nos caracteres peso total de frutos por plantas e comprimento do fruto maduro, que foram os principais responsáveis pela contribuição referente à divergência dos nove genótipos de *Capsicum annuum* L.

Logo, isto reflete que frutos com um maior peso e comprimento são os mais relevantes neste estudo, além de destacarem-se em programas de melhoramento e no mercado consumidor de frutos grandes, justamente por gerar frutos que possuem maiores rendimentos e melhores produtividades.

Referências

Alpiovezza AR, Morais Júnior SLA, Gonçalves ID, Netto AAL, Marcucci MC (2015) Pimentas do gênero *Capsicum*: ações farmacológicas e propriedades terapêuticas. *Revista de Fitoterapia* 15 (2): 121-130.

Bianchi PA, Dutra IP, Moulin MM, Santos JO, Santos Júnior AC (2016) Morphological characterization and analysis of genetic variability among pepper accessions. *Ciência Rural* 46 (7): 1151-1157.

<https://doi:10.1590/0103-8478cr20150825>

Cruz EA, Camacho EA, Jimenez SLR, Ávila ALV, Alfonso LF, Hernández AYP (2018) Efecto de la aplicación combinada de fertilizante químico y húmus de lombriz em *Capsicum annuum*. *Revista Centro Agrícola* 45 (1): 52-61.

Cruz CD (2013) GENES - a software package for analysis in experimental statistics and quantitative genetics. *Acta Scientiarum*. 35 (3): 271-276.

Cruz CD, Carneiro PCS, Regazzi AJ (2014) Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Editora UFV. 668 p.

Cruz CD, Ferreira FM, Personi LA (2020) Biometria aplicada ao estudo de diversidade genética. UFV. 626 p.

Ferreira DF (2018) Estatística multivariada. Editora UFLA, 2008. 624 p.

Mahalanobis PC (1936) On the generalized distance in statistics. Proceedings of The National Institute of Sciences of India 12: 49-55.

Mojena R (1977) Hierarchical grouping methods and stopping rules: an evaluation. The Computer Journal 20: 359-363.

Moll RH, Lonquist JH, Fortuno JV, Johnson EC (1965) The relationship of heterosis and genetic divergence in maize. Genetics 52 (1):139-144.

Pinto KMS, Barbosa LA, Ferreira DS, Nascimento LC, Rêgo ER, Bruno RLA (2014) Sanidade e fisiologia de sementes de pimenta Cambuci *Capsicum baccatum* L. var *pendulum* tratadas como extrato de *Lippia microphylla*. Bioscience Journal 30 (3): 743-749.

Pinto Júnior BB, Nunes LF, Kuplich MMD, Martins MG (2015) Aplicabilidade da pimenta (capsaicina) na estética. Revista Interdisciplinar de Estudos em Saúde 4 (2): 109-119. <https://doi:10.33362/ries.v4i2.719>

Puiatti GA, Cecon PR, Nascimento M, Nascimento ACC, Finger FL, Puiatti M, Silva FF, Silva AR (2014) Comparação dos métodos de agrupamento de Tocher e UPGMA no estudo de divergência genética em acessos de alho. Revista da Estatística UFOP 3 (3): 275-279.

R Development Core Team (2021) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Áustria.

Regazzi AJ, Cruz CD (2020) Estatística multivariada aplicada. UFV. 408 p.

Ribeiro CSC, Carvalho SIC, Reifschneider FJB, Bianchetti LB, Lopes CA, Lima MF, Reis A, Duval AMQ, Pinheiro JB, Nagata AKI, Ragassi CF (2020) Cultivares de pimentas das espécies *Capsicum* spp. desenvolvidas pela Embrapa Hortaliças. Embrapa. 30 p.

Rosário VNM, Chaves RPF, Pires IV, Filho AFS, Toro MJU (2021) Capsicum annum e Capsicum chinense: características físicas, físico-químicas, bioativas e atividade antioxidante. Brazilian Journal of Development 7 (5): 50414-50432. <https://doi:10.34117/bjdv7n5-441>

Silva Neto JJ, Rêgo ER, Nascimento MF, Silva Filho VAL, Almeida Neto JX, Rêgo MM (2014) Variabilidade em população base de pimenteiros ornamentais (Capsicum annum L.). Revista Ceres 61 (1): 84-89. <https://doi:10.1590/S0034-737X2014000100011>

Singh D (1981) The relative importance of characters affecting genetic divergence. The Indian Journal Of Genetic and Plant Breeding 41 (2): 237-245.

Sneath PHA, Sokal RR (1973) Numerical Taxonomy: the principles and practice of numerical classification. W H Freeman & Co. 588 p.

Vaz Patto MC, Satovic Z, Pêgo S, Fevereiro P (2004) Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germoplasm using microsatellite markers. Euphytica 137(1): 63-72.

Zamljen T, Vesna Z, Slatnar A (2020) Influence of Irrigation on Yield and Primary and Secondary Metabolites in Two Chilies Species, Capsicum Annum L. and Capsicum Chinense Jacq. *Agricultural Water Management* 234 (3): 1-7. <https://doi:10.1016/j.agwat.2020.106104>