

**UNIVERSIDADE FEDERAL DO RECÔNCAVO DA BAHIA  
CENTRO DE CIÊNCIAS AGRÁRIAS AMBIENTAIS E BIOLÓGICAS**

**MANOELA CALDAS SANTOS**

**Variabilidade genética em *Physalis angulata* L. (Solanaceae) utilizando marcador ISSR**

**Cruz das Almas-BA**

**2019**

**MANOELA CALDAS SANTOS**

**Variabilidade genética em *Physalis angulata* L. (Solanaceae) utilizando marcador ISSR**

Relatório apresentado como pré-requisito para a conclusão do Componente Curricular GCCA335- Trabalho de conclusão de curso II, do Curso de Bacharelado em Biologia, do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas (CCAAB), da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, UFRB.

Orientadora: Prof<sup>a</sup>. Dr. Edna Lobo Machado

**Cruz das Almas-BA**

**2019**

**MANOELA CALDAS SANTOS**

**Variabilidade genética em *Physalis angulata* L. (Solanaceae) utilizando marcador ISSR**

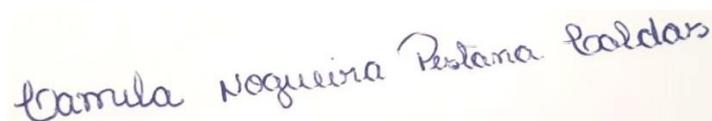
Relatório apresentado como pré-requisito para a conclusão do Componente Curricular GCCA335- Trabalho de conclusão de curso II, do Curso de Bacharelado em Biologia, do Centro de Ciências Agrárias, Ambientais e Biológicas (CCAAB), da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia, UFRB.

**Banca examinadora**



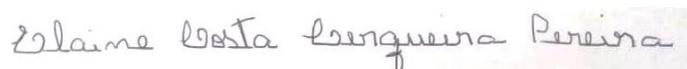
---

Prof. Dr<sup>a</sup>. Edna Lobo Machado (Orientadora)



---

M.<sup>a</sup> Camila Nogueira Pestana Caldas



---

Dr<sup>a</sup> Elaine Costa Cerqueira Pereira

## **Agradecimentos**

Foram 4 anos e meio de muito aprendizado, nem tudo foi fácil, mas tudo foi ensinamento. Foram anos que a UFRB me proporcionou de muita intensidade, ela me levou aos extremos de sentimentos e agradeço a ela por isso, pois tenho várias lembranças para levar para vida inteira. Gratidão UFRB.

Agradeço a Deus, pelo amor, proteção e amparo em todos os momentos da minha vida, mesmo não sendo fácil, sua força sempre me sustentou.

Agradeço a minha família em especial ao meus pais Manoel Souza e Jucélia Amorim, que são meus pilares, meus amores, meu exemplo de vida. É impossível colocar em um texto todo o amor, respeito e gratidão que sinto, pois, são eles os que sempre fizeram e fazem de tudo por mim, que me ensinaram a ser uma pessoa ética, a nunca passar por cima de ninguém e sim estender o ombro amigo quando é preciso, que se sacrificam diariamente para que eu e meu irmão possamos ser aquilo que quisermos, aqueles que sempre priorizaram a educação, pois como eles sempre disseram que estudando eu iria longe. Agradeço também a Matheus Caldas meu irmão, por todos os momentos que fiquei desesperada, achando que não iria conseguir fazer algo e ele sempre me ajudou

Agradeço também aos amigos que fiz nessa jornada e a aqueles que já me acompanham de outras jornadas, em especial a Taylane Oliveira e Larissa Ribeiro que sempre estiveram comigo, nos dias mais felizes ouvindo milhões de histórias e também nos mais tristes quando a vontade era desistir de tudo, elas estavam ao meu lado seja para um abraço, palavras de conforto ou para rir até a barriga doer.

Sou muito grata também a Iágor Manfredini (Meu bem) que me ensinou e tem ensinado a sempre ser a melhor versão de mim, a ser uma pessoa mais confiante e saber que eu posso ser e fazer o que eu quiser, basta acreditar e ter foco, hoje posso dizer que sou uma pessoa muito mais segura e grata por tudo depois dele ter entrado na minha vida.

Agradeço imensamente a todos os professores que participaram da minha formação, em especial a Prf<sup>a</sup> Edna Lobo por me orientar em todo esse percurso, por todos os ensinamentos que me amadureceram como profissional e que hoje resultam em um futura Bióloga.

Por fim, mas não menos importante, agradeço a mim mesma, por não ter surtado.

**O presente trabalho segue as normas de formatação da revista Magistra UFRB.**

## Sumário

Resumo: .....	6
Abstract .....	7
Introdução .....	8
Material e métodos.....	10
Material biológico .....	10
Extração e padronização do DNA .....	10
Seleção previa dos primers ISSR .....	11
Amplificação do DNA.....	11
Análises dos dados .....	11
Resultados e Discussão .....	12
Conclusão.....	15
Referências.....	16

## Variabilidade genética em *Physalis angulata* L. (Solanaceae) utilizando marcador ISSR

**Resumo:** O conhecimento da diversidade genética de espécies comerciais é de grande valia quando se objetiva o melhoramento genético. *Physalis angulata* L. (Solanaceae) é uma espécie nativa do Brasil sendo utilizada para o consumo in natura, em doces e também como planta medicinal. Dentre suas diversas propriedades a que mais se destaca é a fisalina, devido a sua propriedade na cura e tratamento de doenças como: Malária, asma, hepatite, dermatite e reumatismo. Além do seu custo elevado e produção incipiente no Brasil, sendo assim uma ótima alternativa para cultivo, porém devido à falta de programa de melhoramento para espécie, não se tem disponível para os melhores espécimes, estes que poderiam aumentar a base de produção das mesmas e o primeiro passo para o melhoramento genético da espécie é a análise da variabilidade genética da mesma, desse esse o presente trabalho objetiva foi avaliar a diversidade em 15 genótipos de *P.angulata* por meio de 12 marcadores moleculares ISSR com a finalidade de selecionar os mais divergentes para fins de cruzamentos artificiais. Foram obtidos 87 loci ISSR. Destes, 75,81% foram polimórficos para os genótipos avaliados. O primer UBC835 foi o que possibilitou a obtenção de um maior número de loci polimórfico, total de 10. Já os primers TRITCA 3 RC e TRITCC 3 RC foram os que apresentaram o menor número de marcadores polimórficos, total de 2 para cada primer. A média geral foi de 5,4 loci polimórficos por primer. As dissimilaridades genéticas entre os genótipos variaram de 0,13 a 1,0, com base no coeficiente de Jaccard. O dendrograma possibilitou a formação de 4 grupos entre os genótipos: Grupo 1 (M11B8, M7B10, M8B10, M1B2, M9B3, M6B8, M1B8, M5B3, M4B8, M6B3, M7B2); Grupo 2 (M2B6); Grupo 3 (M8B4); e Grupo 4 (M3B5 e M1B4). Os resultados apontam os cruzamentos entre os genótipos M4 B8 e M1 B4, M1 B4 e M8 B4, e M8 B4 e M3 B5 como os mais divergentes e promissores. Desse modo, os marcadores ISSR demonstram eficiência na detecção de polimorfismos moleculares em *Physalis angulata* revelando variabilidade genética entre os genótipos estudados. No entanto, um maior número de genótipos deve ser avaliado em busca de fontes de variabilidade genética para subsidiar programas de melhoramento genético da espécie.

**Palavras-chave:** camapú, polimorfismo, melhoramento genético

## Genetic variability in *Physalis angulata* L. (Solanaceae) using ISSR marker

**Abstract :** The great differential of the genetics of plant species is the great value when the genetic improvement is objectified. *Physalis angulata* L. (Solanaceae) is a native species of Brazil used for in natura, in sweets and also as a medicinal plant. Among its different properties, the following stand out: Malaria, asthma, hepatitis, dermatitis and rheumatism. In addition, you are an incipient producer and producer in Brazil, thus being one of the best alternatives for cultivation, but due to the lack of breeding programs for species, which are not available for the best examples, and which increase the base of 1) The step for the genetic improvement of the species is an analysis of the genetic variability of the species, which makes present the work to evaluate the diversity in 15 genotypes of the English language through 12 molecular markers ISSR with a selection selection for the more divergent fins of artificial crosses. There were 87 ISSR loci coming. Of these, 75.81% were polymorphic for the evaluated genotypes. The primer UBC835 was the one that enabled a greater number of polymorphic loci, total of 10. Already the primers TRITCA 3 RC and TRITCC 3 RC were the ones with the lowest number of polymorphic markers, total of 2 for each primer. The overall mean was 5.4 polymorphic loci per primer. As genetic dissimilarities among genotypes ranged from 0.13 to 1.0, based on no Jaccard coefficient. The dendrogram allowed the formation of 4 groups among the genotypes: Group 1 (M11B8, M7B10, M8B10, M1B2, M9B3, M6B8, M1B8, M5B3, M4B8, M6B3, M7B2); Group 2 (M2B6); Group 3 (M8B4); and Group 4 (M3B5 and M1B4). The results indicate crosses between the M4 B8 and M1 genotypes B4, M1 B4 and M8 B4, and M8 B4 and M3 B5 as the most divergent and promising. Thus, ISSR markers demonstrate efficiency in the detection of molecular polymorphisms in *Physalis angulata* revealing the genetic genetic variability among the studied genotypes. However, a greater number of genotypes should be evaluated in search of sources of genetic variability to support programs of genetic improvement of the species.

**Keywords:** camapú, polymorphism, genetic improvement

## Introdução

*Physalis angulata* pertence ao reino plantae, classe Magnoliopsida, ordem Solanales e a família Solanaceae. A família Solanaceae é uma das maiores famílias botânicas com cerca de 2.300 espécies subdivididas em 92 gêneros. Dentre estes, se destaca o gênero *Physalis*, estabelecido por Linneo em 1753, o qual inclui cerca de 90 espécies herbáceas com hábito perene, que se distribuem, principalmente, no continente Americano (Hunziker, 2001).

*Physalis angulata* é originária da América do Sul com distribuição neotropical ocorrendo desde o sul dos Estados Unidos até a América do Sul (Nee, 1986), com centro de diversidade genética na América do Sul (Hunziker, 2001). No Brasil, a espécie *P. angulata* é nativa (Côrrea, 1984) é conhecida popularmente como camapú, balãozinho, juá-de-capote.

A espécie vem despertando interesse dos consumidores e produtores, pois seus frutos manifestam-se como um valioso recurso genético com grande valor nutricional por conter grandes quantidades de vitamina C e A, ferro e fósforo além, de açúcares e outras substâncias com propriedades medicinais (Freitas & Osuna, 2006; Silva, 2007).

A presença de diversas substâncias tais como, alcaloides, flavonoides, terpenos, esteroides, entre outros, que são derivadas do metabolismo secundário, dá a esta espécie uma importância farmacológica muito significativa, principalmente para os derivados esteroides que tem ação no sistema imunológico. Estudos mostram forte atividade citotóxica para diversos tipos de células cancerosas e atividade antiviral contra o HIV e o HSV-1 vírus que causa a herpes labial (Lorenzi & Matos, 2002).

*P. angulata* produz um composto chamado fisalina, que é utilizado na prevenção ou cura de doenças como: malária, asma, hepatite, dermatite e reumatismo, e por conta desse composto apresenta grande potencial farmacológico (Adams et al., 2009). Também, já existem pesquisas que mostram que a espécie é potencialmente anticarcinogênica (Ribeiro et al., 2002).

Apesar de todo potencial da espécie, ainda não existem programas de melhoramento genético, comprometendo assim a disponibilidade de material genético com alta

produtividade para o produtor, e que atenda a agricultura familiar. Assim faz-se necessário estudos sobre a sua variabilidade genética, caracterização e métodos que contribuam para a domesticação dessa espécie, para que ela seja desse modo, incorporada à cadeia produtiva (Freitas & Osuna, 2006).

Estudos envolvendo a diversidade genética de *P. angulata* e melhoramento genético, ainda são incipientes, principalmente com o auxílio de marcadores moleculares. No início da década de 1980 com a introdução de técnicas de genética molecular, permitiu que os estudos de identificação, caracterização e mapeamento genético passassem a ser feitos com maior segurança, rapidez e eficiência, permitindo inclusive a avaliação da variabilidade genética entre os acessos (Xavier et al., 2005).

Entre os diversos tipos de marcadores moleculares existentes, os marcadores do tipo ISSR (Inter Simple Sequence Repeats) podem ser utilizados na distinção e caracterização molecular de espécimes. São amplificadas via Reação em Cadeira de Polimerase (PCR) regiões genômicas de 100 a 3.000 pb, que são flanqueadas por sequências microssatélites, para as quais são desenhados iniciadores únicos de 16 a 20 pb (Faleiro, 2007).

De modo geral os marcadores ISSRs são largamente usados em estudos de diversidade genética, pois possui as vantagens de não se fazer necessário conhecer informação prévia sobre o genoma da espécie e os procedimentos laboratoriais podem ser aplicados facilmente a diversas espécies vegetais (Costa, 2010).

A utilização total do potencial genético de qualquer cultivo para que se possam aplicar processos de seleção, depende da disponibilidade de uma ampla base genética (Lobo, 2006).

A maior parte dos frutos achados nos supermercados brasileiros, são advindos da Colômbia, visto que a produção comercial no Brasil ainda é insuficiente. Desse modo devido ao alto valor econômico agregado a cultura.

Dessa maneira, apesar da grande importância econômica de *P. angulata*, não há relatos de trabalhos envolvendo o melhoramento genético da espécie no Brasil. Assim, *Physalis*

*angulata* é considerada ótima alternativa de cultivo, pois pode proporcionar um aumento da renda ligada à agricultura familiar.

Diante do exposto, faz-se necessária a avaliação da diversidade genética em *P. Angulata* afim de subsidiar programas de melhoramento genético da espécie. Assim, o objetivo desse trabalho foi avaliar a variabilidade genética entre 15 genótipos de *P.angulata* por meio de marcadores moleculares ISSR com a finalidade de selecionar os mais divergentes para fins de cruzamentos artificiais.

## Material e métodos

### Material biológico

Foram coletadas amostras de folhas jovens e saudáveis de 15 genótipos de *P. angulata* (Tabela 1) oriundos do plantio realizado na Fazenda experimental da Universidade Federal do Recôncavo da Bahia (UFRB) em Cruz das Almas- Bahia- Brasil. O material coletado foi proveniente de sementes coletadas em diferentes regiões do país que foram introduzidas na fazenda experimental da UFRB

Tabela 1: Genótipos de *P.angulata*.

Genótipo	Genótipo
M11 B8	M4 B8
M7 B10	M5 B3
M8 B10	M6 B3
M1 B8	M1 B4
M1 B2	M8 B4
M3 B5	M9 B3
M2 B6	M6 B8
M7 B2	

### Extração e padronização do DNA

DNA genômico das amostras foi extraído utilizando-se do método proposto por Murray & Thompson (1980). O tampão para cada amostra com volume final de 1ml foi constituída de 200 µL de CTAB(10%), 400 µL de NaCl (5M), 100 µL de Tris HCl (1M pH 8,0), 40 µL de EDTA (0,5M), 40 µL de β – Mercaptoetanol, 0,02g de PVP, 200 µL de H<sub>2</sub>O Mili-Q

autoclavada. A marecração foi realizada em almofariz na presença de nitrogênio líquido. O DNA genômico total foi ressuspendido em 200  $\mu\text{L}$  de TE. Para a verificação da qualidade e quantidade do DNA, 5  $\mu\text{L}$  deste foram avaliadas por meio de eletroforese em gel de agarose (Invitrogen) a 1% (100v, 60min), corado com brometo de étideo (Invitrogen) e fotodocumentado (L.PIX, Loccus). A quantificação foi realizada por comparação do DNA isolado com um DNA de concentração conhecida (DNA lambda 100pb, invitrogen). Após a quantificação, a concentração das amostras foi ajustada para 5ng/  $\mu\text{L}$  com diluição em Água ultra pura.

### **Seleção previa dos primers ISSR**

Inicialmente, foi realizado uma triagem para seleção dos primers com bom padrão de amplificação, para isso testado um total de 36 primers ISSR nas reações de amplificação do DNA genômico de 3 genótipos de *P. angulata*. Apenas os primers que amplificaram bandas nítidas foram selecionados para genotipagem dos 15 genótipos.

### **Amplificação do DNA**

As reações de amplificação foram realizadas em volume final de 20  $\mu\text{L}$ . Cada reação foi composta por 4,0  $\mu\text{L}$  de DNA genômico (5 ng/ $\mu\text{L}$ ), 2,0  $\mu\text{L}$  de tampão da enzima (10 x), 1,6  $\mu\text{L}$  de dNTP mix (2,5 mM de cada), 1,0  $\mu\text{L}$  de  $\text{MgCl}_2$  (50 mM), 2  $\mu\text{L}$  de cada iniciador, 0,2  $\mu\text{L}$  de Taq DNA polimerase (1 U/ 2  $\mu\text{L}$  - Invitrogen) e 9,2  $\mu\text{L}$  água ultra-pura autoclavada. A Reação em Cadeia de Polimerase (PCR) foi conduzida em termociclador (applied biosystems- life technologies) programado para um minuto a 94 °C para desnaturação inicial do DNA, seguida por 35 ciclos de 40 segundos a 94°, 40 segundos a 45 °C, e 1 minuto a 72 °C. O ciclo final foi seguido por uma extensão de cinco minutos a 72 °C. Os produtos separados por eletroforese em gel de agarose a 3% a 100v por 3h, corado com Brometo de etídeo, em tampão TBE 1x. A visualização das amostras foi realizado através de transluminador e fotodocumentados (L.PIX- Loccus biotecnologia).

### **Análises dos dados**

Por se tratarem de marcadores dominantes, os dados foram computados como ausência (0) e presença (1) de bandas. A diversidade genética da população foi determinada por

meio da matriz de dissimilaridade genética usando o índice de Jaccard (1908) gerado pelo programa GENES (Cruz, 2003).

A análise de agrupamento hierárquico foi realizada por meio do método *Unweighted Pair-Group Method Averages* (UPGMA) (Sneath & Sokoal, 1973), por meio do programa genes. O dendrograma foi construído com o método da média aritmética não ponderada (UPGMA) (Sneath & Sokal, 1973), por meio do programa Statistica (StatSoft, 2002).

## Resultados e Discussão

Dos 36 primers ISSRs testados, 12 apresentaram resultados consistentes e foram usados na genotipagem dos 15 genótipos de *P. angulata*. Todos os 12 primers ISSR foram polimórficos (Tabela 2). Foram identificados 87 loci, sendo 65 polimórficos e 22 monomórficos (Tabela 2). O primer que permitiu à amplificação de um maior número de loci foi o UBC826 (12 loci; Tabela 2). Já o primer TRITCA 3 RC amplificou o menor número de loci (3 loci; Tabela 2). 74,7% dos loci foram polimórficos, sendo destes o primer UBC835 aquele que apresentou um maior número de loci polimórficos com um total de 10.

Tabela 2: Primers ISSR utilizados na genotipagem de 15 genótipos de *P. angulata*

Primer	Sequência (5'-3')	Loci		Total
		Polimórfico	Monomórficos	
TRITCA 3 RC	TCA TCA TCA TCA TCA RC	2	1	3
TRITCC 3 RC	TCC TCC TCC TCC TCC RC	2	2	4
TRITGC 3 RC	TGC TGC TGC TGC TGC RC	3	1	4
UBC810	GAG AGA GAG	7	1	8
UBC835	AGA GAG AGA GAG AGA GYC	10	1	11
UBC812	GAG AGA GAG AGA GAG AA	3	1	4
UBC815	CTC TCT CTC TCT CTC TG	4	1	5

UBC816	CAC ACA CAC	3	4	7
	ACA CAC AT			
UBC817	CAC ACA CAC	7	1	8
	ACA CAC AA			
UBC818	CAC ACA CAC	7	3	10
	ACA CAC AG			
UBC825	ACA CAC ACA	8	3	11
	CAC ACA CT			
UBC826	ACA CAC ACA	9	3	12
	CAC ACA CC			
Total		65= 74,7%	22= 25,3%	87

A figura 1 apresenta o perfil eletroforético da amplificação do DNA genômico de *P. angulata* obtido com o iniciador UBC835. O número de loci polimórficos variou de 2 (TRITCA 3 RC e TRITCC 3RC) a 10 (UBC835), produzindo uma média de 5,41 loci polimórficos por iniciador.



Figura 1: Perfil eletroforético obtido com o marcador UBC835 em 15 genótipos de *P.angulata*. 1. Ladder: marcador de peso molecular de 1kb.

Com relação a detecção de polimorfismo, resultado diferente foi obtido por Aguilera et al (2011). Os autores utilizaram 10 primers ISSR na genotipagem de 96 acessos de tomateiro e identificaram 144 bandas de DNA, sendo apenas 36,8 polimórficas. Vale ressaltar que o tomateiro pertence à mesma família de *P. angulata*. Já Lorezonni et.al (2014) chegaram a um polimorfismo próximo ao do presente trabalho. Os autores analisaram 16 acessos de biribizeiro com 20 primers ISSR e detectaram um total de 118 bandas, destas 81% polimórficas e 19% monomórficas.

O agrupamento hierárquico dos 15 genótipos foi calculado a partir do número da discordância obtida a partir do coeficiente de dissimilaridade de Jaccard. Os valores de dissimilaridade máximo e mínimo foram respectivamente 0 e 0,85 (Tabela 3). Os genótipos mais similares geneticamente foram M8B10 e M1B2, validado com o valor mínimo de 0,85, e os mais dissimilares geneticamente foram os indivíduos M4B8 e M1B4, M1B4 e M8B4, e M8B4 e M3B5 com igual valor máximo de 0 de similaridade. Esses genótipos mais dissimilares são os indicados para cruzamentos em programas de melhoramento genético para a espécie. Variação menor de distância genética foi obtida para outras culturas, a exemplo: da cultura de pimenta com o marcador ISSR (0,42 a 0,03; Oliveira et.al, 2013).; Para o tomateiro com o marcador RAPD (0,34 a 0,01; Golçalves et. al., 2008).; E também, para Umbu-Cajazeira com o marcador ISSR (0,247 a 0,665; Santana et.al., 2011).

Tabela 3: Matriz de dissimilaridade genética entre 15 GENÓTIPOS de *P.angulata* obtida a partir do coeficiente de dissimilaridade de Jaccard.

OTU	M11B8	M7B10	M8B10	M1B8	M1B2	M3B5	M2B6	M7B2	M4B8	M5B3	M6B3	M1B4	M8B4	M9B3	M6B8
M11B8															
M7B10	0,60526														
M8B10	0,625	0,64706													
M1B8	0,5	0,375	0,66667												
M1B2	0,57143	0,60377	0,85417	0,65116											
M3B5	0,04762	0,08333	0,06897	0,08696	0,0625										
M2B6	0,41379	0,21951	0,325	0,4	0,31707	0,25									
M7B2	0,57895	0,40816	0,67442	0,57895	0,62222	0,16667	0,48485								
M4B8	0,40909	0,41071	0,66	0,57143	0,58491	0,03448	0,30769	0,53333							
M5B3	0,52941	0,33333	0,63636	0,75	0,62222	0,08	0,4	0,60526	0,48889						
M6B3	0,52381	0,48148	0,64706	0,54545	0,63462	0,0625	0,34211	0,51064	0,64583	0,61905					
M1B4	0,03571	0,03125	0,02778	0,03704	0,02632	0,75	0,14286	0,10714	0	0,03571	0,02778				
M8B4	0,34483	0,09756	0,26316	0,27586	0,25641	0	0,3	0,29412	0,18421	0,37037	0,27027	0			
M9B3	0,575	0,58824	0,77083	0,55814	0,82979	0,03448	0,32432	0,56818	0,48148	0,56818	0,62	0,02941	0,28571		
M6B8	0,4878	0,59091	0,64444	0,36585	0,74419	0,05556	0,24242	0,53846	0,38	0,34884	0,45833	0,04167	0,25806	0,71429	

Foi obtido um dendrograma pelo método UPGMA e feito um corte a 70% (0,7) de distância, que resultou na formação de 4 grupos principais (Figura 2). A correlação cofenética obtida foi de 0,7, sendo esta considerada alta e desse modo adequada. Segundo Vaz Patto et al. (2004),  $r > 0,56$  é considerada a ideal, pois indica haver concordância entre a matriz de dissimilaridade e a de agrupamento genético.

Os grupos foram formados por: Grupo 1 (M11B8, M7B10, M8B10, M1B2, M9B3, M6B8, M1B8, M5B3, M4B8, M6B3, M7B2); Grupo 2 (M2B6); Grupo 3 (M8B4); e Grupo 4 (M3B5 e M1B4). Esse resultado mostra que há variabilidade genética entre os genótipos avaliados, importante para o programa de melhoramento genético da espécie. Lima (2017) trabalhando com 8 caracteres agrônômicos em *Physalis angulata*, obteve a formação de 2 grupos principais, podendo-se assim inferir que o uso do marcador molecular possibilitou a detecção de uma maior variabilidade genética, quando comparado a caracteres morfológicos.

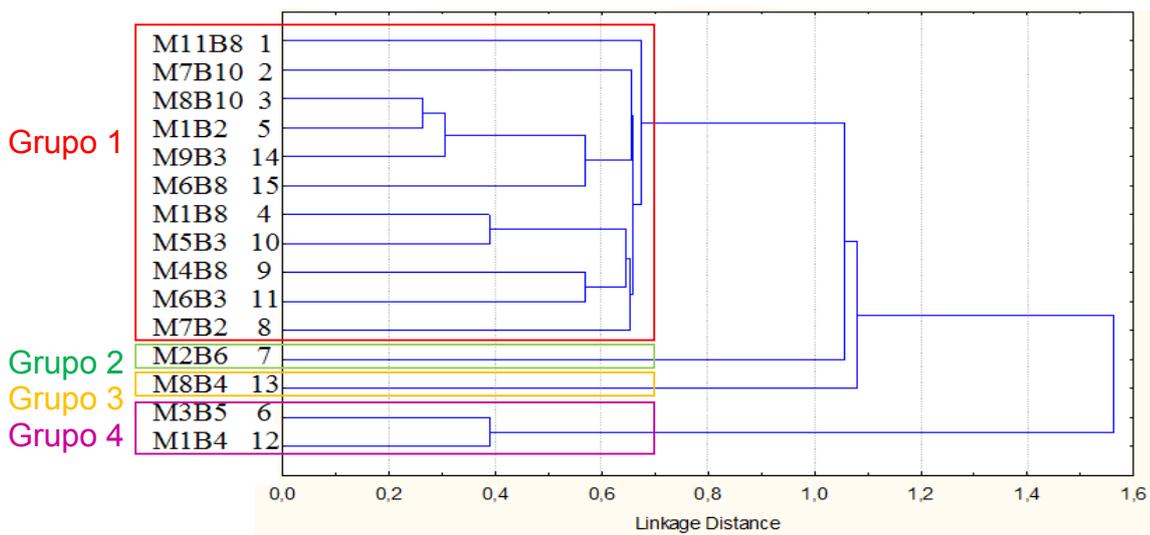


Figura 2: Dissimilaridade genética entre 15 genótipos de *Physalis angulata* utilizando o método UPGMA

## Conclusão

Os marcadores ISSR demonstram eficiência na detecção de polimorfismos moleculares em *Physalis angulata*, revelando variabilidade genética entre os genótipos estudados. No entanto, um maior número de genótipos deve ser avaliado em busca de fontes de variabilidade genética para subsidiar programas de melhoramento genético da espécie.

## 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.
- Aguilera, Jorge G. et al. Genetic variability by ISSR markers in tomato (*Solanum lycopersicon* Mill.). *Revista Brasileira de Ciências Agrárias*, v. 6, n. 2, 2011.
- Costa, J.C. Utilização de Marcadores ISSR na Caracterização de Cultivares. Dissertação (Mestrado em Agronomia) – Universidade Federal Rural de Pernambuco. 2010.
- Corrêa, M.P. Dicionário das plantas úteis do Brasil e das exóticas cultivadas. Rio de Janeiro: IBDF, Ministério da Agricultura, Imprensa Nacional, v.I a IV. 1984.
- Cruz, C. D. Programa GENES: versão Windows: aplicativo computacional em genética e estatística. Viçosa: UFV, 2001. 648p. CRUZ, CD; CARNEIRO, PCS Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: UFV, v. 2, p. 115-131, 2003.
- Faleiro, F.G. Marcadores genético-moleculares aplicados aos programas de conservação e uso de recursos genéticos. Planaltina: Embrapa Cerrados. 102p. 2007.
- Freitas, T.A., Osuna, T.T.A. Efeito do substrato e da luminosidade na germinação de sementes de *Physalis angulata* L. (Solanaceae). *Sitientibus: Série Ciências Biológicas*. 6 (2): 101-104. 2006.
- Gonçalves, L.S.A.; et al. Divergência genética em tomate estimada 43 por marcadores RAPD em comparação com descritores multicategóricos. *Horticultura Brasileira*. Vol. 26. P. 364-370, 2008.
- Hunziker, A.T. *The genera of Solanaceae*. Ruggell: A.R.G. Gantner Verlag K.G. 500p. 2001.
- Jaccard, P. Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles*, v.44, p.223-270. 1908.
- Lima, A. P. Caracterização Morfoagronômica de acessos de *Physalis angulata* L. Anais Seminário de Iniciação Científica, n. 21, 2017.
- Lobo, A. M. Recursos Genéticos y Mejoramiento de Frutales Andinos: Una visión conceptual. *Revista Corpoica Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, v. 7, n. 2, p 40-54. 2006.
- Lorenzi, H., Matos, F.J.A. Plantas Medicinais no Brasil: nativas e exóticas cultivadas. Nova Odessa: Instituto Plantarum. 512 p. 2002.
- Lorezoni, R.M.; et al. Utilização de marcadores ISSR na avaliação da divergência genética entre acessos de biribazeiro. *Rev. Bras. Frutic.* vol.36 no.spe1 Jaboticabal. 2014.
- Murray, M.G.; Thompson, W. F. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. *London. Rev. Nucleic Acids Research*, p. 4321-4325. 1980.

Nee, M. Solanaceae I. *In: Flora de Veracruz*. Fasc.49. Xalapa, Veracruz: Instituto Nacional de Investigaciones sobre recursos Bióticos. 1986.

Oliveira, F.L.; et al. Uso de marcadores ISSR para estimar a diversidade genética entre acessos de pimenta coletados no sul do estado do Espírito. *Perspectivas Online*(Campo dos Goitacazes) v.10, p.35-43, 2013.

Ribeiro, I.M.; et al. *Physalis angulata* L. antineoplastic activity, in vitro, evaluation from it's stems and fruit capsules. *Revista Brasileira de Farmacognosia* 12: 21-22. 2002.

Santana, I.B.B.; et al. Variabilidade genética entre acessos de Umbu-Cajazeira mediante análise de marcadores ISSR. *Revista Brasileira de Fruticultura*. v. 33, p.868-876. 2011.

Silva, A.H.B. Seleção e variabilidade genética para caracteres qualitativos e quantitativos em progênies de *Physalis angulata* L. (Solanaceae). 2007.

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

Stat SoftINC. Statistica (data analysis software system), version 6.0. Stat Soft Incorporation. 2002.

Vaz Patto, M. C; et al. Assessing the genetic diversity of Portuguese maize germplasm using microsatellite markers. *Euphytica*, v.137, p.63-67, 2004.

Xavier, G. R. *et al.* Variabilidade genética em acessos de caupi analisada por meio de marcadores RAPD. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, v. 40, n. 4, p. 353-359, 2005.