

Genotipificación en introducciones de *Capsicum chinense* Jacq. mediante marcadores moleculares SSR fluorescentes

Genotyping in *Capsicum chinense* Jacq. introductions using fluorescent SSR molecular markers

Rubén Darío Rojas Pantoja[†] , José René Jiménez Cardona , Daira Alicia del Pilar Cuarán Cuarán 
Franco Alirio Vallejo Cabrera , Raul Dirceu Pazdiora  y Creucí Maria Caetano 



Acceso Abierto

Correspondencia:

rdrojas@unal.edu.co
Facultad de Ciencias Agropecuarias.
Universidad Nacional de Colombia
sede Palmira, Colombia.

Sometido: 16-12-2022
Aceptado para publicación:
12-04-2023
Publicado en línea: 01-07-2023

Palabras clave:

Ají; análisis moleculares;
fluorocromos; genotipos
élite; variabilidad genética.

Key words:

Chilli; elite genotypes;
fluorochromes; genetic
variability; molecular analysis.

Citación:

Rojas Pantoja RD, Jiménez Cardona JR, Cuarán Cuarán DAdP, Vallejo Cabrera FA, Dirceu Pazdiora R, Caetano CM. Genotipificación en introducciones de *Capsicum chinense* Jacq. mediante marcadores moleculares SSR fluorescentes. *Magna Scientia UCEVA* 2023; 3:1 79-87.
<https://doi.org/10.54502/msuceva.v3n1a8>

Resumen

El objetivo del presente estudio fue utilizar marcadores SSR fluorescentes para seleccionar genotipos con amplia variabilidad genética, entre introducciones de *C. chinense* provenientes de México, Brasil y Colombia. En la genotipificación se empleó la plataforma Applied Biosystems 3730xI (Institute of Biotechnology, Cornell University) y la evaluación del tamaño de los alelos se realizó con el software GeneMapper 3.7 (Applied Biosystems). Los marcadores revelaron un total de 114 alelos con un promedio de 12 alelos por locus. El tamaño de los alelos osciló entre 91 y 341 pares de bases. El número de alelos por locus fue variable, de seis para Hpms 2-24 a 21 para Gpms -161. Las poblaciones estudiadas presentaron un índice de Shannon bajo. Las accesiones con mayor diversidad genética fue Brasil con $I= 1.622$, mientras las de Colombia fue la menor, con $I= 0.995$. Los valores medios de H_o fueron de 0.517 para Brasil, 0.317 para Colombia y 0.543 para México. Los valores medios de H_e fueron, en general, superiores a los observados. La tasa de H_e más baja se registró en accesiones colombianas (0.491), mientras la más alta en las mexicanas (0.719). El análisis de conglomerados mostró la conformación de tres grupos, diferenciados según el origen geográfico de los genotipos evaluados. Todos los cebadores mostraron bandas reproducibles, lo que demuestra su eficiencia para la cartografía genética y el etiquetado de genes en futuros estudios. El valor PIC refleja que la diversidad alélica y la frecuencia entre los genotipos fueron generalmente altas para los loci SSR probados.

Abstract

The aim of this study was to use fluorescent SSR markers to select genotypes with high genetic variability among *C. chinense* introductions from Mexico, Brazil and Colombia. Genotyping was performed using the Applied Biosystems 3730xI platform (Institute of Biotechnology, Cornell University), and allele size assessment was performed using GeneMapper 3.7 software (Applied Biosystems). The markers yielded a total of 114 alleles with an average of 12 alleles per locus. The size of the alleles ranged from 91 to 341 base pairs. The number of alleles per locus varied from six for Hpms 2-24 to 21 for Gpms -161. The populations studied had a low Shannon index. The accessions with the highest genetic diversity were those of Brazil with $I= 1.622$ and those of Colombia with $I= 0.995$. The mean values of H_o were 0.517 for Brazil, 0.317 for Colombia and 0.543 for Mexico. The mean H_e values were generally higher than those observed. The lowest H_e value was found in Colombian accessions (0.491), while the highest was found in Mexican accessions (0.719). The cluster analysis showed the formation of three groups, differentiated according to the geographical origin of the genotypes evaluated. All primers showed reproducible bands, demonstrating their efficiency for genetic mapping and gene tagging in future studies. The PIC value reflects that allelic diversity and frequency between genotypes were generally high for the SSR loci tested.



Introducción

El género *Capsicum* se originó a lo largo de los Andes de occidente a noroccidente de Suramérica y comprende aproximadamente 38 especies silvestres y cultivadas [1-3]. Su expansión ha seguido una dirección de las agujas del reloj alrededor de la cuenca amazónica, hacia el centro, el sur de Brasil y finalmente, hacia el norte de Centroamérica [4-6].

De las especies aceptadas, solo seis son cultivadas: *Capsicum annuum*, *C. baccatum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens* y *C. Assamicum*, siendo un recurso con un alto valor económico y hospedero de una gran diversidad genética intra e interespecífica [7-9]. Las características de importancia para la selección de genotipos élitos comprenden el tipo de fruta, color, forma, sabor y fuentes de compuestos relacionados con la salud, tales como el ácido ascórbico (vitamina C), carotenoides (provitamina A), tocoferoles (vitamina E), flavonoides y capsaicinoides [10-13].

En Colombia, *C. chinense* se cultiva en diferentes pisos térmicos (0-2500 m.s.n.m.), mostrando una amplia plasticidad a las condiciones edafoclimáticas, facilitando así la siembra. Fue una de las principales hortalizas de exportación durante el 2022, colocando en manifiesto la necesidad de promover el mejoramiento de las variedades existentes [14-17].

Varios tipos de marcadores moleculares se han utilizado en estudios de diversidad, filogenéticos y cartografía en *Capsicum*, entre ellos los microsatélites SSR, que demostraron ser particularmente valiosos debido a su carácter co-dominante y multi-alélico [18-21]. La utilización de marcadores moleculares en programas de mejoramiento [22] permitió acelerar la exploración de diversidad y selección genotipos. Mientras los análisis genéticos clásicos han revelado un gran número de genes para rasgos de importancia, las tecnologías de secuenciación y genotipificación de nueva generación, han generado recursos genómicos a gran escala y encontrado la base molecular de caracteres económicamente importantes en el genoma de *Capsicum* [23,24].

Con base en lo anterior, el objetivo principal del presente estudio fue utilizar marcadores SSR fluorescentes para seleccionar genotipos élite con amplia variabilidad genética, con el fin de implementar en un futuro una

certificación de origen geográfica para materiales de *C. chinense* a ser empleados en programas de mejoramiento.

Métodos

Material vegetal y aislamiento del ADN

Se utilizaron 45 accesiones de *C. chinense* provenientes de México (seis), Brasil (18) y Colombia (21). Las semillas de cada accesión fueron sembradas en bandejas plásticas con turba, mantenidas en invernadero hasta las tres semanas de edad, donde se tomaron dos hojas por planta, conservadas en nitrógeno líquido hasta la extracción de ADN.

El material vegetal (tejidos jóvenes) se maceró en nitrógeno líquido y se procesó según el protocolo de CTAB modificado [25]. La concentración y calidad del ADN se estimó por el método espectrofotométrico estándar, densidad óptica de 260 y 280nm en espectro UV (Colibrí Titertek Berthold), integrado con electroforesis en gel de agarosa al 0.8%. Las muestras de trabajo se diluyeron en TE 1X 100µL a una concentración de trabajo de 20 ng.ml⁻¹.

Amplificación de microsatélites fluorescentes

Se emplearon nueve pares de cebadores SSR fluorescentes, utilizados previamente [26-28] y que presentan un alto contenido de información polimórfica (PIC). Estos se distribuyen a través del genoma de *Capsicum*, abarcando 9 de sus 12 cromosomas. De acuerdo con su tamaño molecular, se formaron paneles de cuatro marcadores por placa. Las amplificaciones de los SSR con marcaje terminal se realizaron en placas de 96 pozos en un termociclador MultiGene OptMax™.

El coctel para PCR, en un volumen de 20µL, contenía 20 ng de ADN genómico; buffer 1X (10 mM de Tris HCl pH 8.8; 50 mM de KCl, 0.1% de TritonX-100); 0.4 mM de cloruro de magnesio (MgCl₂) 2mM; 2 pmol de cada cebador (forward y reverse); 0.75 pmol de cada cebador marcado con fluorocromos (Fam, azul; Pet, rojo; Ned, amarillo y Vic, verde) (ver tabla 1) y 1U de Taq polimerasa. Las condiciones de PCR consistieron en 94°C x 5 min; 94°C x 30s, temperatura de alineamiento (Ta) x 45 s; se repiten 35 ciclos del paso 2 al 4; 1min x 72°C, con una extensión final de 5min x 72°C. La verificación del tamaño de los productos de PCR se realizó en gel de agarosa al 2%. En la genotipificación se empleó la plataforma Applied Biosystems 3730xI (Institute of

Biotechnology-Cornell University, USA). Se procedió posteriormente a evaluar el tamaño de los alelos con el software GeneMapper 3.7[®] (Applied Biosystems).

Tabla 1. Detalles de los cebadores SSR empleados en la genotipificación de 45 introducciones de *C. chinense* provenientes de Brasil, Colombia y México

ID	Marcador	Secuencia	Referencia	Cromosoma	Posición (cM)	Rango amplificación
1	EPMS397-F EPMS397-R	NED -GCACCCTCCCAATACAAATC GATCACGGAGAAAGCAAAGG	[25]	P1	145.7	102–117
2	Gpms-6 -F Gpms-6 -R	PET -CAGAGCACTTGACATGCCTT GATCTTTATAGTAGCTCATCAATA	[25]	P2	103	122–172
3	Hpms 2–24-F Hpms 2–24-R	FAM - TCGTATTGGCTTGTGATTTACCG TTGAATCGAATACCCGCAGGAG	[26]	P9	58.4	187-205
4	GPMS93-F GPMS93-R	VIC -ATCCTTGGCGTATTTTGCAC TTCACCTTGCACACAGGCTT	[25]	P3	162.5	202–268
5	Epms-310-F Epms-310-R	FAM - TGGGAAGAGAAATTGTGAAAGC AGGAAACATGGTTCAATGCC	[25]	P8	58	140–172
6	Gpms-161-F Gpms-161-R	PET - CGAAATCCAATAAACGAGTGAAG CCTGTGTGAACAAGTTTTTCAGG	[25]	P7	131.4	184–259
7	Gpms-165-F Gpms-165-R	NED - GAACAATAATAATTGACAGGACAG AGCCTCGCAGTTTGTCTTAC	[25]	P5	116.4	242–317
8	Hpms1-5-F Hpms1-5-R	FAM - CCAAACGAACCGATGAACACTC GACAATGTTGAAAAAGGTGGAAGAC	[26]	P6	63.1	289-323
9	HpmsE013-F HpmsE013-R	GCGCCAAGTGAGTTGAATTGAT VIC -GCGCCAAGTGAGTTGAATTGAT	[27]	P10	18.1	256

Análisis de datos

Se registró el rango de amplificación de los productos de los SSR evaluados, generando la matriz de datos. Se utilizó el software Genetix 4.05[®] para calcular el número de alelos efectivos (N_e), heterocigosidad observada (H_o), heterocigosidad esperada (H_e), índice de información de Shannon (I), estimación de Nei de diversidad genética y heterocigosidad imparcial (U_{He}). Los valores de PIC para cada SSR se estimaron determinando la frecuencia de alelos por locus usando la siguiente fórmula:

$$PIC = 1 - \sum x_i^2$$

Dónde:

P_i = frecuencia del alelo i para el locus estudiado
 P_j = frecuencia del alelo ($i+1$)

Valores superiores a 0.5 se consideran muy informativos, los valores entre 0.25 y 0.5 medianamente informativos y los valores inferiores a 0.25 poco informativos. La versión del software DARwin 6.0.1.4[®] se empleó para realizar el Análisis de Componentes Principales (ACP); la construcción del árbol de disimilitud (dendrograma), por el método de agrupamiento de vecinos no ponderados (NJ), para una matriz de disimilitud calculada con el coeficiente de Jaccard y valores de *bootstrap* de 1000 réplicas.

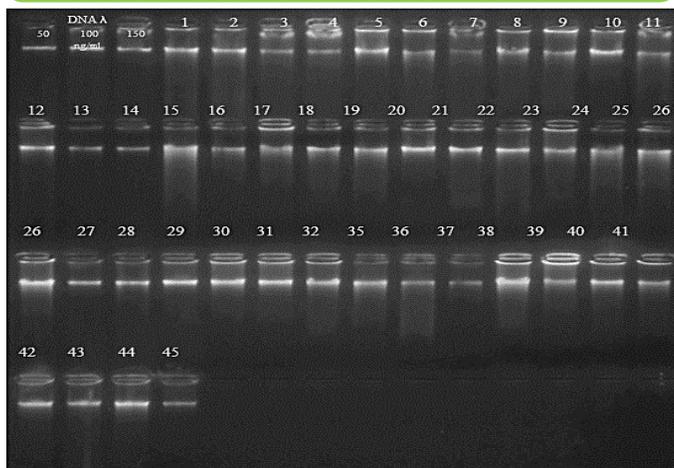
Resultados

Cuantificación del ADN

El protocolo de CTAB modificado [25] demostró una alta eficiencia en la extracción de ADN. La cuantificación en el espectrofotómetro (Colibrí Titertek Berthold) permitió

cuantificar concentraciones desde 5 a 982 ng.ml⁻¹. La lectura en la densidad óptica a 260 y 280 nm, expresó que el ADN era adecuado para su amplificación por PCR (ver figura 1).

Figura 1. Evaluación de la cantidad y calidad de ADN de *C. chinense* mediante la comparación de la intensidad fluorescente del ADN extraído, comparado con tres diluciones de cantidades conocidas de ADN del fago Lambda (50ng, 100ng y 150ng, respectivamente). Gel de agarosa 0.8% teñida con gel red 1x



Análisis moleculares

Se utilizó un total de nueve pares de marcadores SSR (ver tabla 2) empleados para analizar la variación genética en 45 accesiones de *C. chinense*. Los marcadores revelaron un total de 114 alelos, con un promedio de 12 alelos por locus. El tamaño de los alelos osciló entre 91 y 341 pares de bases. El número de alelos por locus fue variable, de seis para Hpms 2–24 a 21 para Gpms-161.

El número efectivo de alelos (Ne) osciló entre 1.65 (HpmsE013) y 9.43 (EPMS397), con un promedio de 4.20 para los nueve cebadores (tabla 3). El índice de información de Shannon (I) osciló entre 0.56 (Hpms 2–24) y 2.28 (EPMS397), promedio de 1.42. Los valores de heterocigosidad observada (Ho) oscilaron entre 0.18 (HpmsE013) y 0.68 (EPMS397 y Gpms-161), promedio de 0.46. La heterocigosidad esperada (He) osciló entre 0.30 (HpmsE013) y 0.88 (EPMS397), promedio de 0.63. La heterocigosidad imparcial (UHe) varió de 0.30 (HpmsE013) a 0.92 (EPMS397), promedio de 0.66. El índice de fijación genética (F) varió de 0.12 (GPMS93) a 0.55 (Hpms1-5), promedio de 0.28. Finalmente, el PIC (contenido de información polimórfica) varió entre 0.41 (Hpms 2–24) y 0.98 (EPMS397), con un promedio de 0.7 (PIC > 0.5), lo que indicó que estos loci contenían una cantidad considerable de información genética que puede

utilizarse en estudios de diversidad genética en germoplasma de Capsicum.

Tabla 2. Diversidad genética estimada mediante la evaluación de 9 microsatélites en 45 accesiones de *C. Chinense*. NE- Número efectivo de alelos, I- índice de información de Shannon, Ho- heterocigosidad Observada, He- heterocigosidad Esperada, UHe- heterocigosidad esperada imparcial, F-índice de fijación

Locus	Ne	I	Ho	He	uHe	F	PIC
EPMS397	9.43	2.28	0.68	0.88	0.92	0.23	0.98
Gpms-6	3.47	1.48	0.55	0.66	0.69	0.16	0.69
Hpms 2–24	1.66	0.56	0.21	0.32	0.33	0.34	0.41
GPMS93	4.54	1.70	0.65	0.75	0.79	0.12	0.81
Epms-310	4.07	1.48	0.58	0.75	0.79	0.23	0.71
Gpms-161	5.69	1.99	0.68	0.82	0.86	0.17	0.83
Gpms-165	2.27	0.99	0.26	0.44	0.45	0.40	0.62
Hpms1-5	5.01	1.67	0.34	0.76	0.79	0.55	0.81
HpmsE013	1.65	0.60	0.18	0.30	0.30	0.31	0.44
Media	4.20	1.42	0.46	0.63	0.66	0.28	0.7
DS	2.44	0.59	0.21	0.22	0.23	0.14	0.18

Diversidad genética de las poblaciones evaluadas

La tabla 3 resume los índices de diversidad genética de las poblaciones Brasil, Colombia y México. Estas presentaron un índice de Shannon bajo. Las accesiones de *C. chinense* con mayor diversidad genética fueron de Brasil (I=1.622), mientras que las de Colombia presentaron la menor (I=0.995). Los valores medios de Ho entre las poblaciones fueron de 0.517 para Brasil, 0.317 para Colombia y 0.543 para México. Los valores medios de He fueron, en general, superiores a Ho. La tasa de He más baja se registró en las accesiones colombianas (0.491), mientras que la más alta se presentó en las accesiones mexicanas (0.719). La estimación del coeficiente de endogamia (f) varió en las tres poblaciones analizadas.

Tabla 3. Resumen de los índices de diversidad poblacional promediados en nueve loci. Ne = número de alelos efectivos = $1/(\sum \pi_i^2)$, I = Índice de Shannon = $-1 * \sum (\pi_i * \ln(\pi_i))$, Ho = heterocigosidad observada = N° de hets/N, He = heterocigosidad esperada = $1 - \sum \pi_i^2$; UHe = heterocigosidad esperada imparcial = $(2N/(2N-1)) * He$, F = Índice de fijación = $(He - Ho)/He = 1 - (Ho/He)$

Población		Ne	I	Ho	He	UHe	F
Brasil	Media	4.939	1.622	0.517	0.687	0.705	0.229
	SE	1.218	0.223	0.062	0.069	0.071	0.065
Colombia	Media	3.168	0.995	0.317	0.491	0.529	0.361
	SE	0.679	0.265	0.085	0.125	0.135	0.032
México	Media	4.490	1.634	0.543	0.719	0.740	0.253
	SE	0.731	0.159	0.073	0.050	0.052	0.082

Estructura genética

El análisis de las variaciones moleculares (AMOVA) indicó que la variación genética dentro de los grupos contribuyó con el 65%, más a la diversidad genética que entre los grupos (8%) respectivamente (tabla 4), según la distribución geográfica de los genotipos.

Tabla 4. Análisis de la varianza molecular (AMOVA) para accesiones de *C. chinense*, utilizando marcadores SSR

Grupos	d.f.	SS	MS	Est. Var.	%
Entre grupos	2	24.124	12.062	0.287	8%
Entre individuos	42	170.709	4.065	0.916	27%
Dentro de individuos	45	100.500	2.233	2.233	65%
Total	89	295.333		3.436	100%

La diferenciación genética entre las poblaciones ($F_{ST} = 0.084$ en $P < 0.001$) fue significativa como se indica en la prueba de aleatorización Pairwise F_{ST} , con valores de distancia genética entre todas las poblaciones significativos ($P < 0,01$) (ver tabla 5).

Análisis de conglomerados

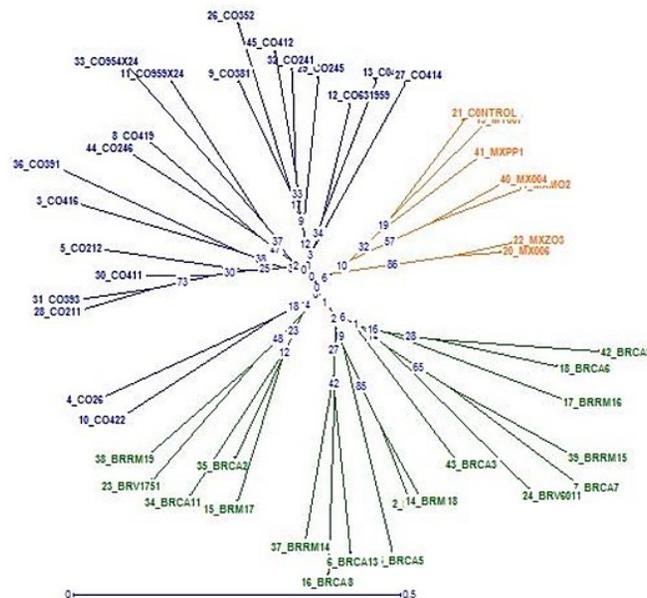
Todas las 45 accesiones de *C. chinense* fueron discriminadas con éxito por los SSR seleccionados. Estas

se clasificaron en tres grupos, siendo posible la diferenciación sobre la base de origen geográfico para cada una de los genotipos evaluados. El primer grupo lo conformaron 20 accesiones colombianas, el segundo, siete accesiones mexicanas y el tercer, 18 accesiones brasileñas (ver figura 2).

Tabla 5. Estadísticos F de Wright para nueve loci dentro de tres poblaciones de *C. chinense*

F-Statistics	Value	P(rand >= data)
Fst	0.084	0.001
Fis	0.291	0.001
Fit	0.350	0.001

Figura 2. Dendrograma de las relaciones genéticas entre 45 introducciones de *C. chinense* basadas en el polimorfismo SSR. Análisis de clúster según el método neighbour-joining

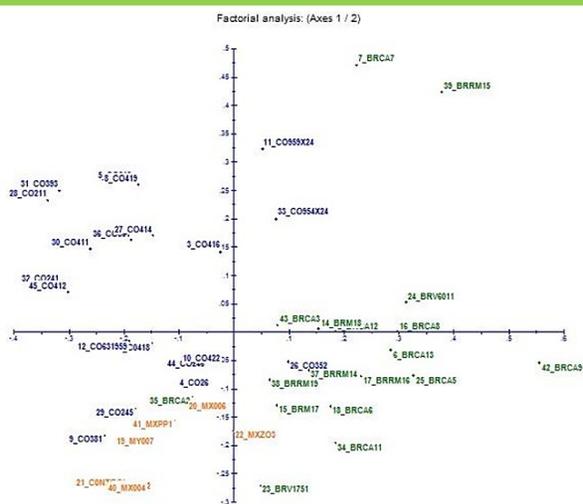


Análisis de coordenadas principales

Los datos SSR fueron sometidos a PCoA con el fin de obtener una visión alternativa de las relaciones filogenéticas entre las introducciones evaluadas (figura 3). En el PCoA bidimensional, las accesiones de *C. chinense* se dividieron en tres grupos siguiendo el origen geográfico. Se demostró que existe gran diversidad genética en los grupos evaluados. Las introducciones exhibieron una distribución uniforme a través de los ejes, similar al patrón mostrado por el dendrograma (figura 3).

En PCoA todas las variedades fueron etiquetadas con diferentes colores sobre la base de sus diferentes regiones, para indicar su especificidad de región.

Figura 3. Análisis de Componentes Principales basado en autovalores calculados a partir de nueve marcadores SSR. Las 45 introducciones se agruparon en tres poblaciones geográficas, mostrados en diferentes colores



Discusión

La diversidad genética de 45 introducciones de *C. chinense* se evaluó utilizando nueve marcadores micro satélites. El nivel de polimorfismo entre las poblaciones evaluadas fue relativamente alto, oscilando entre 66% y 100% con un promedio de 88%. Este alto nivel de polimorfismo en genotipos de *C. Chinense* indica que es una especie altamente polimórfica. La mayoría de los cebadores evaluados fueron altamente informativos, excepto los marcadores Hpms 2–24 y HpmsE013. Todos los cebadores exhibieron bandas reproducibles, lo que demuestra su eficiencia para uso en la cartografía genética y el etiquetado de genes en futuros estudios.

El número de alelos detectados por locus y la naturaleza de los alelos presentes en la población son signos fundamentales de presencia de diversidad alélica. El valor PIC refleja la diversidad alélica; la frecuencia entre los genotipos evaluados fue generalmente alta para todos los loci SSR probados. Estudios relacionados [29-31] indican que los marcadores basados en micro satélites son herramientas poderosas para describir las diferencias y similitudes genéticas y la diversidad entre los genotipos de *Capsicum* estudiados, favoreciendo la toma de decisiones para futuros programas de mejoramiento.

Considerando el índice de riqueza y diversidad alélica, la variación de los valores dentro de cada uno de los tres grupos evaluados, Brasil, Colombia y México (0.687, 0.491, 0.719, respectivamente), son congruentes y un indicativo de que la diversidad genética puede ser debida al constante flujo génico entre genotipos distintos. A su vez, el dendrograma y el ACP reflejan una cantidad considerable de variación genética total entre los genotipos estudiados, con agrupación en tres grupos principales, y sus subgrupos.

El presente estudio reveló la diversidad genética dentro de una colección de germoplasma de *C. chinense* de diferentes regiones geográficas. Los SSR fluorescentes permitieron la discriminación de los genotipos con base a su origen eco geográfico, en especial marcadores SSR tales como el EPMS397, GPMS93, Epms-310 y Gpms-161.

Conclusión

El presente estudio ha logrado cumplir de manera satisfactoria con su objetivo principal, que consistía en emplear marcadores SSR fluorescentes con el propósito de identificar genotipos élite que posean una amplia variabilidad genética en materiales de *C. chinense*. Esta estrategia, diseñada con miras a futuras certificaciones de origen geográfico en programas de mejoramiento, ha demostrado su potencial para revolucionar las estrategias de selección en el campo del Fitomejoramiento.

La utilización de marcadores SSR fluorescentes ha revelado un panorama más completo y detallado de la diversidad genética presente en las poblaciones estudiadas. Esta herramienta ha superado las limitaciones de las técnicas convencionales, permitiendo un análisis más profundo y preciso de la estructura genética de los genotipos evaluados. Los resultados obtenidos han arrojado una rica variedad de perfiles genéticos, confirmando la eficacia de los marcadores SSR fluorescentes para discriminar entre genotipos con similitudes morfológicas, pero con diferencias genéticas sustanciales.

La implementación de esta estrategia en programas de Fitomejoramiento abre nuevas puertas hacia la obtención de cultivares altamente mejorados. La identificación de genotipos élite con amplia variabilidad genética es el primer paso hacia la generación de variedades con rasgos innovadores de productividad y calidad del fruto. Estos rasgos, esenciales para una producción sostenible y para

mantener la competitividad en el mercado, son el resultado directo de la profundización en la comprensión de la diversidad genética a través de la tecnología de marcadores SSR fluorescentes.

En conclusión, el análisis de diversidad genética utilizando marcadores SSR fluorescentes ha demostrado ser una herramienta crucial y eficaz para optimizar las estrategias de selección en programas de Fitomejoramiento. Los avances obtenidos mediante esta técnica abren un camino prometedor hacia la creación de cultivares mejor adaptados, más productivos y de mayor calidad. Así, esta investigación no solo satisface su objetivo inicial de identificar genotipos élite con variabilidad genética en *C. chinense*, sino que también tiene el potencial de revolucionar la industria agrícola al proporcionar las bases para una mejora genética más precisa y eficiente.

Consentimiento de publicación

Los autores leyeron y aprobaron el manuscrito final.

Conflicto de interés

Los autores declaran no tener conflicto de interés. Este documento solo refleja sus puntos de vista y no el de la institución a la que pertenecen.

Perfil de autoría

Rubén Darío Rojas Pantoja

Graduado en Ingeniería Agronómica (2012), cuenta con Maestría en Ciencias Biológicas, con énfasis en Biotecnología Vegetal (2015) de la Universidad Nacional de Colombia, posee experiencia en el uso de herramientas de Biología Molecular para el diagnóstico de Fitopatógenos y estudios de diversidad Genética, Universidad de Buenos Aires UBA, Argentina (2014).

Actualmente, es Director de cultivo de cannabis medicinal y flores de corte; liderando procesos agroindustriales en aspectos técnicos y administrativos de mejoramiento, propagación, producción, fertilización y sanidad vegetal.



José René Jiménez Cardona

Graduado en Ingeniería Agronómica (2013), Maestría en Ciencias Biológicas, línea de investigación en recursos fitogenéticos neotropicales (2015); practica profesionalizante en citogenética y epigenética con validación de la diversidad genética de razas criollas e indígenas de maíz de Colombia (Brasil, 2014). Cuenta con experiencia en citogenética clásica y molecular, colecta y caracterización de material vegetal. Ha estado vinculado con la Universidad Nacional de Colombia, La Escola Superior de Agricultura “Luiz de Queiroz” de Sao Paulo, Brasil La Universidad Pontificia Bolivariana y el Centro de Gestión y Desarrollo Sostenible SurColombiano, SENA, Pitalito-Huila, Colombia.



Daira Alicia del Pilar Cuarán Cuarán

Graduada como Ingeniera Agrónoma de la universidad nacional de Colombia- sede Palmira (2013); Especialista en Gestión de Asistencia Técnica Agropecuaria, Centro Latinoamericano de Especies Menores, SENA CLEM-Tuluá, Valle del Cauca, Colombia (2017). Magister en Ciencias Biológicas, Línea de Recursos Fitogenéticos Neotropicales, de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira (2022); labora como técnico agropecuario en el secretariado diocesano de pastoral social, proyecto de agricultura sostenible y desarrollo humano integral, Nariño-Colombia.



Franco Alirio Vallejo Cabrera

Ingeniero Agrónomo de la Universidad Nacional de Colombia, Magister en ciencias de la Universidad Nacional de Colombia; Instituto Colombiano Agropecuario, Doctor en Genética y Mejoramiento de Plantas de la Universidad de Sao Paulo, Brasil. Profesor Titular, Maestro Universitario, Profesor Emérito de la Universidad Nacional de Colombia; Premio Nacional de Ciencias de la Fundación Alejandro Ángel Escobar (1994); Investigador Emérito de MinCiencias; Miembro de la Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Física y Naturales.



Raul Dirceu Pazdiora

Profesor Asociado Nivel III de la Universidad Federal de Rondônia- Departamento de Zootecnia, Campus Presidente Médici, Brasil. Licenciado en Medicina Veterinaria por la Universidad Federal de Santa Maria (2005), Máster en Zootecnia (Producción Animal) por la misma institución (2008) y Doctor en Zootecnia (Producción Animal) por la Universidad Estadual de São Paulo Júlio de Mesquita (UNESP), campus Jaboticabal (2011). Tiene experiencia en Medicina Veterinaria y Zootecnia, con énfasis en Producción Animal-Ganado Bovino de Carne y Leche, trabajando principalmente en los siguientes temas: evaluación de alimentos, nutrición de rumiantes, mejoramiento genético y manejo animal.



Creuci Maria Caetano

Graduada en Ciencias Biológicas (1981), con Maestría en Biología Celular (1995) y PhD en Ciencias Biológicas (2001) de la Universidade Estadual de Maringá (UEM), Paraná. Pedagoga (UEM; 1994), con un perfeccionamiento en Ciencia y Ciudadanía-Ethos Ciencia de la Faculdade Estadual de Campo Mourao, Paraná (1996).

Especialización en Control y Gestión Ambiental (UEM, 1999) y Curso Internacional de Posgrado en Patrimonio Cultural, Turismo Sustentable y Paisaje Cultural (Fondo Verde; 2017). Sus áreas de actuación son la Citogenética Vegetal, la Etnobotánica aplicada, la Conservación y Utilización de Recursos Fitogenéticos (RFG). Ha estado vinculada con el Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI) (actual Bioversity International), la Universidad Nacional de Colombia y la Fundacao Universidade Federal de Rondônia, na Amazônia Ocidental Brasileira, campus Presidente Médici, Departamento de Engenharia de Pesca.



Referencias

- [1] Jarret RL, Barboza GE, Costa Batista FR da, Berke T, Chou Y-Y, Hulse-Kemp A, et al. Capsicum—An Abbreviated Compendium. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 2019; 144:3–22. <https://doi.org/10.21273/JASHS04446-18>
- [2] Silvar C, Rocha F, Barata AM. Tracing Back the History of Pepper (*Capsicum annuum*) in the Iberian Peninsula from a Phenomics Point of View. *Plants* 2022; 11:3075. <https://doi.org/10.3390/plants11223075>
- [3] García-González CA, Silvar C. Phytochemical Assessment of Native Ecuadorian Peppers (*Capsicum* spp.) and Correlation Analysis to Fruit Phenomics. *Plants* 2020; 9:986. <https://doi.org/10.3390/plants9080986>
- [4] Carrizo García C, Barfuss MHJ, Sehr EM, Barboza GE, Samuel R, Moscone EA, et al. Phylogenetic relationships, diversification and expansion of chili peppers (*Capsicum*, Solanaceae). *Ann Bot* 2016; 118:35–51. <https://doi.org/10.1093/aob/mcw079>
- [5] Carrizo García C, Barboza GE, Palombo N, Weiss-Schneeweiss H. Diversification of chiles (*Capsicum*, Solanaceae) through time and space: New insights from genome-wide RAD-seq data. *Front Genet* 2022;13. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.1030536>
- [6] Shiragaki K, Yokoi S, Tezuka T. Phylogenetic Analysis and Molecular Diversity of *Capsicum* Based on rDNA-ITS Region. *Horticulturae* 2020; 6:87. <https://doi.org/10.3390/horticulturae6040087>
- [7] Dhaliwal MS, Jindal SK, Gaikwad AK, Singh K. Genetic diversity analysis and DNA fingerprinting of elite chilli pepper lines using SSR markers. *International Journal of Vegetable Science* 2013; 19:207–16. <https://doi.org/10.1080/19315260.2012.707762>
- [8] Molla MdR, Ahmed I, Rohman MdM, Haque MA, Hossain SMDM, Hassan L. Genetic diversity in - chilli (*Capsicum annuum* L.) based on microsatellite markers: An evaluation of Bangladeshi germplasm. *Acta Agric Slov* 2022;118. <https://doi.org/10.14720/aas.2022.118.4.2511>
- [9] Sharmin A, Hoque MdE, Haque MdM, Khatun F. Molecular diversity analysis of some chilli (*Capsicum* spp.) genotypes using SSR markers. *Am J Plant Sci* 2018; 09:368–79. <https://doi.org/10.4236/ajps.2018.93029>
- [10] Wahyuni Y, Ballester A-R, Sudarmonowati E, Bino RJ, Bovy AG. Secondary metabolites of *Capsicum* species and their importance in the human diet. *J Nat Prod* 2013; 76:783–93. <https://doi.org/10.1021/np300898z>
- [11] Cervantes-Hernández F, Ochoa-Alejo N, Martínez O, Ordaz-Ortiz JJ. Metabolomic analysis identifies differences between wild and domesticated chili pepper fruits during development (*Capsicum annuum* L.). *Front Plant Sci* 2022;13. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.893055>
- [12] Alonso-Villegas R, González-Amaro RM, Figueroa-Hernández CY, Rodríguez-Buenfil IM. The genus *Capsicum*: a review of bioactive properties of its polyphenolic and capsaicinoid composition. *Molecules* 2023; 28:4239. <https://doi.org/10.3390/molecules28104239>
- [13] Antonio AS, Wiedemann LSM, Veiga Junior VF. The genus *Capsicum*: a phytochemical review of bioactive secondary metabolites. *RSC Adv* 2018; 8:25767–84. <https://doi.org/10.1039/C8RA02067A>
- [14] OECD. OECD Review of Agricultural Policies: Colombia 2015. Bogotá D.C., Colombia: 2015. <https://doi.org/http://dx.doi.org/10.1787/9789264227644-en>
- [15] Fischer G, Parra-Coronado A, Balaguera-López HE. Altitude as a determinant of fruit quality with emphasis on the Andean tropics of Colombia. A review. *Agron Colomb* 2022;40. <https://doi.org/10.15446/agron.colomb.v40n2.101854>
- [16] PROCOLOMBIA. Cadena de agroalimentos 2021. Bogotá, DC: 2022. https://www.camara.gov.co/sites/default/files/2021-08/ANEXO%201%20MINCOMERCIO%20-%2020Productos_potencial_exportador_agroindustrial_Colombia.pdf
- [17] MinAgricultura. Exportaciones del agro crecieron 24% impulsadas por productos no tradicionales que aumentaron 31% en enero de 2022;2022. <https://www.minagricultura.gov.co/noticias/Paginas/Exportaciones-del-agro-crecieron-24-impulsadas-por-productos-no-tradicionales-que-aumentaron-31-en-enero-de-2022.aspx>
- [18] Portis E, Nagy I, Sasvári Z, Stágel A, Barchi L, Lanteri S. The design of *Capsicum* spp. SSR assays via analysis of in silico DNA sequence, and their potential utility for genetic mapping. *Plant Science* 2007; 172:640–8. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2006.11.016>
- [19] Cheng J, Zhao Z, Li B, Qin C, Wu Z, Trejo-Saavedra DL, et al. A comprehensive characterization of simple sequence repeats in pepper genomes provides valuable resources for marker development in *Capsicum*. *Sci Rep* 2016; 6:18919. <https://doi.org/10.1038/srep18919>
- [20] Nicolai M, Pisani C, Bouchet J-P, Vuylsteke M, Palloix A. Short communication discovery of a large set of SNP and SSR genetic markers by high-throughput sequencing of pepper (*Capsicum annuum*). *Genetics and Molecular Research* 2012; 11:2295–300. <https://doi.org/10.4238/2012.August.13.3>
- [21] Buso GSC, Reis AMM, Amaral ZPS, Ferreira ME. Novel and highly informative *Capsicum* SSR markers and their cross-species transferability. *Genetics and Molecular Research* 2016;15. <https://doi.org/10.4238/gmr.15038689>
- [22] Cuarán Cuarán DA del P, Jiménez Cardona JR, Rojas Pantoja RD, Vélez Lozano JA, Vallejo Cabrera FA, Caetano CM. Caracterización morfológica y proximal de introducciones de *Capsicum chinense* Jaq. (Solanaceae) para uso en programas de mejoramiento genético. *Magna Sci. UCEVA*;2(1):117-28. <https://doi.org/10.54502/msuceva.v2n1a12>
- [23] Chhapekar S, Kehie M, Ramchiary N. Advances in Molecular Breeding of *Capsicum* Species. In: Chandra Deka P, editor. *Biotechnological Tools for Genetic Resources*. 1st ed., New Delhi: Daya Publishing House; 2016, p. 233–74.
- [24] Karim KMR, Rafii MY, Misran AB, Ismail MF Bin, Harun AR, Khan MMH, et al. Current and prospective strategies in the varietal improvement of chilli (*Capsicum annuum* L.) specially heterosis breeding. *Agronomy* 2021; 11:2217. <https://doi.org/10.3390/agronomy11112217>
- [25] Swain T, Harborne JB. Phytochemical Ecology, *Phytochemical Society Symposia Series* no. 8. *Kew Bull* 1973; 28:330. <https://doi.org/10.2307/4119796>
- [26] Nagy I, Stágel A, Sasvári Z, Röder M, Ganai M. Development, characterization, and transferability to other Solanaceae of microsatellite markers in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Genome* 2007; 50:668–88. <https://doi.org/10.1139/G07-047>
- [27] Lee JM, Nahm SH, Kim YM, Kim BD. Characterization and molecular genetic mapping of microsatellite loci in pepper. *Theoretical and Applied Genetics* 2004; 108:619–27. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1467-x>
- [28] Yi G, Lee JM, Lee S, Choi D, Kim B-D. Exploitation of pepper EST-SSRs and an SSR-based linkage map. *Theoretical and Applied Genetics* 2006; 114:113–30. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0415-y>

[29] Patel A, Sasidharan N, Vala A, Vinay K. Genetic relations in *Capsicum annum* [L.] cultivars through microsatellite markers: SSR and ISSR. *Electronic Journal of Plant Breeding* 2011; 2:67–76.

[30] Igwe DO, Afiukwa CA, Acquah G, Ude GN. Genetic diversity and structure of *Capsicum annum* as revealed by start codon targeted and directed amplified minisatellite DNA markers. *Hereditas* 2019; 156:32. <https://doi.org/10.1186/s41065-019-0108-6>

[31] Azevedo CD de O, Rodrigues R, Sudré CP. Microsatellites for detecting inconsistencies in *Capsicum* cultivars registration in Brazilian database: more than meets the eye. *Hortic Bras* 2019; 37:285–93. <https://doi.org/10.1590/s0102-053620190306>

