

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN GERMOPLASMA DE PIMIENTO (*Capsicum* spp) DEL BANCO DE HORTÍCOLAS DE ZARAGOZA



González-Pérez S¹, Garcés-Claver A², Mallor C², Sáenz de Miera L³, Pomar F¹, Merino F¹, Silvar C^{1*}

¹ Área de Fisiología Vegetal, Universidade da Coruña, Campus da Zapateira s/n, 15071 A Coruña, España

² Centro de Investigación y Tecnología Agroalimentaria de Aragón, Avd. Montañana 930, 50059 Zaragoza, España

³ Departamento de Biología Molecular, Universidad de León. Campus de Vegazana s/n, 24071 León, España

*e-mail: c.silvar@udc.es

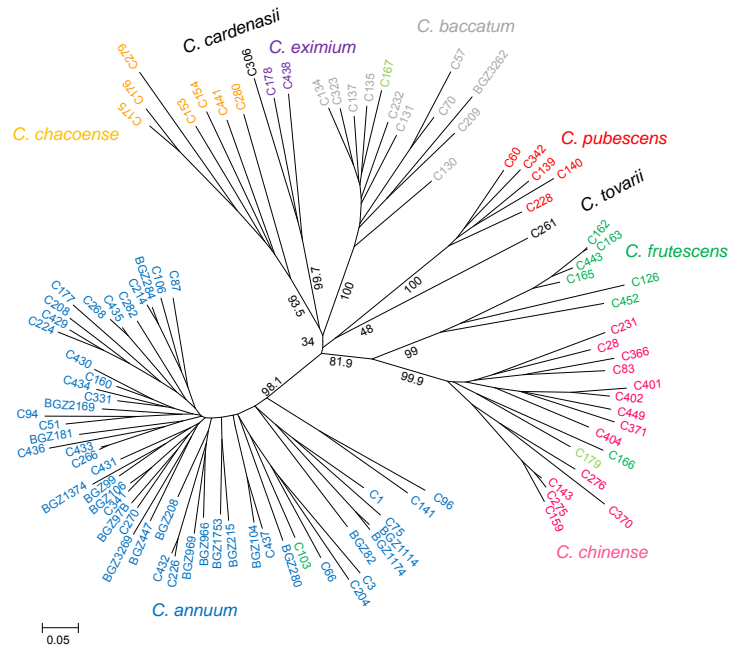
El Banco de Germoplasma de Hortícolas de Zaragoza (BGHZ) alberga entradas de pimiento de todas las especies cultivadas del género *Capsicum*, correspondiendo la mayor cuantía a la especie *C. annuum* de origen español. La gestión y utilización eficiente de esta colección dependerá de la comprensión de la diversidad genética existente y su distribución entre individuos, poblaciones y especies. Por tanto, su evaluación con marcadores moleculares constituye un paso previo fundamental de cara a un uso óptimo.

En el presente trabajo se han utilizado un total de 102 entradas de pimiento del BGHZ, que incluyen a las especies *C. annuum*, *C. chinense*, *C. baccatum*, *C. frutescens*, *C. pubescens*, *C. cardenasii*, *C. chacoense*, *C. eximium*, *C. galapagoense* y *C. tovarii*. La caracterización molecular se realizó con 55 marcadores microsatélites (SSR), disponibles en la bibliografía y distribuidos a lo largo de los 12 cromosomas de pimiento.

Grupo	N°	Grupo	N°	Grupo	N° loci	Fuente
<i>C. chinense</i>	14	<i>C. galapagoense</i>	2	Hpms	20	Lee et al. (2004)
<i>C. baccatum</i>	11	<i>C. tovarii</i>	1	HpmsE	12	Yi et al. (2006)
<i>C. frutescens</i>	8	<i>C. cardenasii</i>	1	GPMS	8	Nagy et al. (2007)
<i>C. pubescens</i>	5	<i>C. annuum</i> españolas	40	EPMS	5	Nagy et al. (2007)
<i>C. chacoense</i>	7	<i>C. annuum</i> mundo	11	CAMS	5	Minamiyama et al. (2006)
<i>C. eximium</i>	2			Otros	5	Ben-Chaim et al. (2006); Stellari et al. (2010)

De los 55 marcadores SSR analizados, 14 no amplificaron o no mostraron un patrón claro en los electroferogramas y 2 resultaron monomórficos. Los 39 marcadores polimórficos detectaron un total de 381 alelos en los 102 genotipos analizados, con un tamaño variable de 118 a 379 pb. El número de alelos por locus osciló entre 3 (en los marcadores HpmsE120 y CP10023) y 23 (Hpms1-5), con una media de 9,77.

Grupo	N	N _A	H _O	uH _e
<i>C. annuum</i>	51	4,03	0,03	0,42
<i>C. chinense</i>	14	3,18	0,12	0,44
<i>C. baccatum</i>	11	3,00	0,12	0,43
<i>C. frutescens</i>	8	3,13	0,10	0,54
<i>C. pubescens</i>	5	1,80	0,15	0,28
<i>C. chacoense</i>	7	3,00	0,11	0,49
Total	96	9,76	0,07	0,70



El n° medio de alelos por locus (N_A), la heterocigosidad observada (H_O) y el índice de diversidad de Nei (uH_e) fueron calculados en las diferentes especies del género *Capsicum* constituidas por al menos tres individuos. El número medio de alelos por locus osciló entre 1,80 (*C. pubescens*) y 4,03 (*C. annuum*). Los valores de H_O fueron bajos y estuvieron comprendidos entre 0,03 (*C. annuum*) y 0,15 (*C. pubescens*). El mayor índice de diversidad de Nei se observó para *C. frutescens* (0,54) mientras que los valores más pequeños se obtuvieron para *C. pubescens* (0,28) y *C. annuum* (0,42).

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA EN LA COLECCIÓN



ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA EN EL GRUPO NO-ANNUUM



ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA EN EL GRUPO C. ANNUUM



El análisis de clúster permitió distinguir siete grupos correspondientes a las principales especies abarcadas en este estudio. Todas las entradas de *C. annuum* fueron incluidas en un mismo clúster con un valor de bootstrap del 98,1%. *C. chinense* y *C. frutescens* se perfilaron como especies independientes, aunque asociadas en una misma rama del dendrograma. *C. tovarii* se agrupó con *C. pubescens* mientras que *C. cardenasii* y *C. eximium* aparecen formando parte del mismo clúster.

El análisis de la estructura genética para los 102 genotipos analizados produjo una máxima probabilidad para ΔK=2, que separó los genotipos *C. annuum* de los genotipos "no-annuum". El análisis independiente del grupo "no annuum" generó una probabilidad máxima para ΔK=6. Los seis grupos obtenidos se mostraron claramente distintos, con ninguna o muy poca mezcla genética, y se corresponden con las seis especies representadas mayoritariamente en este estudio, lo cual refleja el elevado grado de diferenciación existente dentro del género *Capsicum*. A su vez, el análisis de los genotipos de *C. annuum*, produjo una probabilidad máxima para ΔK=2, observándose una clara separación de las entradas en dos grupos correspondientes a las "annuum españolas" y las "annuum del mundo"

Bibliografía:

- Ben-Chaim et al. (2006) *Theor Appl Genet* 113: 1016-1028
- Lee et al. (2004) *Theor Appl Genet* 108: 619-627
- Minamiyama et al. (2006) *Mol Breeding* 18: 157-169
- Nagy et al. (2007) *Genome* 50: 668-688
- Stellari et al. (2010) *Heredity* 104: 460-471
- Yi et al. (2006) *Theor Appl Genet* 114: 113-130

AGRADECIMIENTOS: Este trabajo ha sido financiado por el MICINN-INIA-FEDER a través del proyecto RTA2011-00118