

ANÁLISIS DE LA DIVERSIDAD Y ESTRUCTURA GENÉTICA EN GERMOPLASMA DE PIMIENTO (*CAPSICUM SPP*) DEL BANCO DE HORTÍCOLAS DE ZARAGOZA.

S. González-Pérez¹, A. Garcés-Claver², C. Mallor², L. Sáenz de Miera³, F. Pomar¹, F. Merino¹, C. Silvar¹

¹ Departamento de Biología Animal, Biología Vegetal e Ecología. Universidade da Coruña, Campus da Zapateira s/n, 15071 A Coruña, España

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

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

Palabras clave: Variabilidad, BGHZ, SSR

Resumen

En el presente trabajo se ha estudiado parte de la colección de pimientos (*Capsicum spp*) mantenida en el Banco de Germoplasma de Hortícolas de Zaragoza (BGHZ). El análisis con marcadores microsatélite ha revelado una elevada diversidad genética dentro de la colección así como un agrupamiento de las accesiones en función de su especie o bien de su origen geográfico para algunas entradas de *Capsicum annuum*.

INTRODUCCIÓN

El género *Capsicum* incluye veintisiete especies que han sido agrupadas en tres complejos (Pickersgill 1997). El primero de ellos, denominado complejo *C. annuum* incluye a las especies *C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens* y *C. galapagoense*, mientras que el complejo *C. baccatum* contiene a *C. baccatum*, *C. praetermissum* y *C. tovarii*. El tercer complejo denominado *C. pubescens* engloba a las especies *C. pubescens*, *C. cardenasii* y *C. eximium*. La especie silvestre *C. chacoense* se considera que podría pertenecer al primero o al segundo de los complejos (Walsh y Hoot 2001).

El Banco de Germoplasma de Hortícolas de Zaragoza (BGHZ) alberga entradas de pimiento de todas las especies de género *Capsicum* utilizadas por el hombre y que proceden prácticamente de todos los países en los que el cultivo tiene importancia, aunque la mayor cuantía corresponde a España. La gestión y utilización eficiente de estas colecciones de germoplasma dependerá de la comprensión de la diversidad genética existente y su distribución entre individuos, poblaciones y especies. Por tanto, la evaluación con marcadores moleculares constituye un paso previo fundamental de cara a un uso óptimo de la colección.

MATERIAL Y MÉTODOS

Material vegetal. Se utilizaron un total de 102 entradas de pimiento (*Capsicum spp.*) 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*.

Marcadores microsatélite y análisis de datos. La caracterización molecular se realizó utilizando 55 marcadores microsatélites (SSR) distribuidos a lo largo de los 12 cromosomas de pimiento. A partir de una matriz binaria se estimó la similitud genética utilizando el coeficiente de Dice y se construyó un dendrograma según el método Neighbour-Joining. La posible estructura en grupos de la colección se investigó mediante un análisis bayesiano implementado en el programa STRUCTURE v2.2.3.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 55 marcadores microsatélite evaluados, 41 resultaron informativos. Varios marcadores no amplificaron en determinados grupos de especies y fueron considerados alelos nulos. Asimismo, el porcentaje de polimorfismo varió entre los distintos grupos, siendo *C. frutescens* y *C. pubescens* las especies más y menos polimórficas, respectivamente. Los 39 marcadores polimórficos detectaron un total de 381 alelos con una media de 9,77 alelos por locus. El mayor índice de diversidad de Nei (Nei 1978) se observó para *C. eximium* (0,65) dentro de las especies no domesticadas y para *C. frutescens* (0,56) dentro del grupo de especies domesticadas, mientras que los valores más pequeños se obtuvieron para *C. annuum* (0,49) y *C. pubescens* (0,46).

El análisis de clúster permitió distinguir siete grupos correspondientes a las principales especies abarcadas en este estudio. El análisis de la estructura genética para los 102 genotipos analizados produjo una máxima probabilidad para $\Delta K=2$, que separó los genotipos *C. annuum* de los genotipos “no-*annuum*”. Un análisis en detalle de los genotipos de *C. annuum* produjo una probabilidad máxima para $\Delta K=2$, observándose una clara separación de las accesiones en dos grandes grupos correspondientes a las “*annuum* españolas” y las “*annuum* del mundo”.

AGRADECIMIENTOS

Esta investigación ha sido financiada por el proyecto INIA-FEDER RTA2011-00118

REFERENCIAS

- Nei, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics* 89:583–590.
- Pickersgill, B. 1997. Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. *Euphytica* 96: 129–133.
- Walsh, B.M., Hoot, S.B. 2001. Phylogenetic relationships of *Capsicum* (Solanaceae) using DNA sequences from two noncoding regions: the chloroplast atpB-rbcL spacer region and nuclear waxy introns. *Int. J. Plant. Sci.* 162:1409–1418.