

Caracterización molecular de accesiones de ají (*Capsicum* spp.) utilizando marcadores de ADN polimórfico amplificado al azar (RAPD)

Molecular characterization of pepper accessions (*Capsicum* spp.) using randomly
amplified polymorphic DNA markers (RAPD)

Perling, Lagarde^{1*}, Rosa Lía, Velásquez^{2**}, Luis Angulo^{2**}, Ángela Bedoya^{3***} y Nayiri Camacaro^{4****}

^{*}Instituto de Botánica Agrícola. Facultad de Agronomía. Universidad Central de Venezuela, Apdo. 4563. Maracay, 2103. Venezuela

^{**}Instituto de Genética. Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela, Apdo. 4563. Maracay, 2103. Venezuela

^{***}Departamento de Biología, Instituto Pedagógico Rafael Escobar Lara, Universidad Pedagógica Experimental Libertador. Maracay 2101. Venezuela

^{****}Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas. (INIA). Maracay 2105, Venezuela

RESUMEN

La alta variabilidad genética existente en ají dulce hace necesaria la obtención de un material homogéneo, tanto agronómico como culinario, y la caracterización molecular facilita el estudio de la diversidad genética entre materiales que puedan ser incluidos en los programas de mejoramiento genético. El objetivo del presente estudio fue caracterizar molecularmente 12 accesiones de ají del Banco de Germoplasma del INIA-CENIAP mediante 12 marcadores RAPD. Se utilizó tejido foliar para la extracción de ADN y la separación de los productos PCR-RAPD fue en geles de agarosa 1,5%. La mejor resolución para evaluar la variabilidad y el polimorfismo genético entre las accesiones, se observó en los cebadores OPA 02, OPE 03 y OPE 04. Se generaron 39 fragmentos, de los cuales 27 fueron polimórficos (69,23%). La matriz de presencia y ausencia permitió calcular porcentaje de polimorfismo, PIC y realizar el análisis multivariado de conglomerados jerárquicos UPGMA (dendrograma), utilizando la distancia Jaccard. Los

ABSTRACT

The high genetic variability existing in sweet pepper makes it necessary to obtain homogeneous material, both agronomic and culinary, and molecular characterization facilitates the study of genetic diversity between materials that can be included in genetic improvement programs. The objective of the present study was molecularly characterized 12 pepper accessions from the INIA-CENIAP germplasm bank, using 12 RAPD markers. Leaf tissue was used for DNA extraction, and PCR-RAPD products were separated on 1.5% agarose gels. The best resolution for assessing genetic variability and polymorphism among accessions was observed with primers OPA 02, OPE 03 and OPE 04. 39 fragments were generated, of which 27 were polymorphic (69,23%). The presence-absence matrix allowed calculating the polymorphism percentage, PIC, multivariate cluster analysis UPGMA (dendrogram), using Jaccard distance. The similarity values among the studied genotypes range from 0.00 to 0.77. OPE 03 provided the highest polymorphic information (78.57%)

*Autor de correspondencia: Perling Lagarde

E-mail: perling.lagarde@ucv.ve; Telf: +58 424-3758387

ORCID: ¹ <https://orcid.org/0009-0006-1227-2865>

² <https://orcid.org/0009-0005-1021-8972>

³ <https://orcid.org/0000-0003-1606-3148>

⁴ <https://orcid.org/0000-0002-0749-5750>

⁵ <https://orcid.org/0009-0000-3490-5930>

Recepción: 22-04-2025

Aceptado: 16-12-2025

Publicado: enero, 2026

<https://doi.org/10.63327/RFA/2025.51.2.02>

Esta Revista se publica bajo el auspicio del Consejo de Desarrollo Científico y Humanístico, UCV

valores de similitud entre los genotipos estudiados oscilaron entre 0,00 y 0,77. El OPE 03 aportó la mayor información polimórfica (78,57%) y PIC = 0,34. El análisis UPGMA generó dos grupos discriminantes, el Grupo I y distancia de similitud de 0,20; las accesiones: OSP-HOR-10-988, OSP-HOR-10-399, OSP-HOR-14-981 (ajíes dulces), OSP-HOR-14-726 (ají dulce y de semillas picantes), OSP-HOR-19-1047 y OSP-HOR-19-1046 (ají picante). El Grupo II y distancia 0,23: OSP-HOR-10-991, OSP-HOR-14-727, OSP-HOR-10-989, OSP-HOR-10-995, OSP-HOR-11-479 y OSP-HOR-12-1048 (ajíes dulces). Las coordenadas 1 y 2 del ACP explicaron el 44,88% de la variabilidad acumulada. Se evidenció la formación de un grupo adicional al mostrado en el dendrograma, sólo con la accesión OSP-HOR-19-1046 (picante y de otra especie del género *Capsicum*). El análisis molecular reflejó una variabilidad genética y separó los materiales de ajíes en grupos discriminantes, asociadas posiblemente con la presencia/ausencia de pungencia en las accesiones.

Palabras clave: Distancia genética, germoplasma, PCR, polimorfismo genético.

INTRODUCCIÓN

El ají es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial, debido a que sus frutos son ampliamente utilizados en la gastronomía y la agroindustria. En Venezuela, es un cultivo importante por su alto rendimiento y alta demanda en los estados Anzoátegui, Bolívar, Sucre, Monagas y Nueva Esparta, lo cual lo hace rentable (Montaño, 2000; Viáfara-Vega *et al.*, 2024).

Las investigaciones de su origen genético y procesos evolutivos son fundamentales para preservar la agrobiodiversidad y encontrar nuevas fuentes de variación que puedan ser útiles en futuros programas de mejoramiento genético. El centro de origen está ubicado en las regiones tropicales y sub-tropicales de América (Villota-Cerón *et al.*, 2012; Ortega-Albero *et al.*, 2024). En México existe la mayor variabilidad genética a nivel mundial y se debe a la diversidad de climas, suelo y los procesos evolutivos por el manejo humano (Peña, 2020).

Botánicamente, el género *Capsicum* pertenece a la familia Solanaceae y comprende un conjunto

and PIC=0.34. The UPGMA analysis generated two discriminant groups, Group I and similarity distance of 0.20; the accessions: OSP-HOR-10-988, OSP-HOR-10-399, OSP-HOR-14-981 (sweet peppers), OSP-HOR-14-726 (sweet and hot seed peppers), OSP-HOR-19-1047 and OSP-HOR-19-1046 (hot peppers). Group II and distance 0.23: OSP-HOR-10-991, OSP-HOR-14-727, OSP-HOR-10-989, OSP-HOR-10-995, OSP-HOR-11-479 and OSP-HOR-12-1048 (all sweet peppers). PCA coordinates 1 and 2 explained 44.88% of the accumulated variability. The formation of an additional group to that shown in the dendrogram was evident only with the accession OSP-HOR-19-1046 (hot and from another species of the *Capsicum* genus). Molecular analysis reflected genetic variability and separated the chili pepper materials into distinct groups, possibly associated with the presence/absence of pungency in the accessions.

Key words: Genetic distance, genetic polymorphism, germplasm, PCR.

de plantas semi-arbustivas perennes. Las especies cultivadas se consideran autóгамas; sin embargo, existe cierto grado de polinización cruzada (Nuez *et al.*, 1996; Barboza *et al.*, 2022). Varios estudios en ajíes domesticados han concluido que su variabilidad es baja, en comparación con ajíes silvestres (Larekeng *et al.*, 2019). Hay cinco especies domesticadas y mundialmente reconocidas en las que se incluyen: *C. annuum* L. variedad *annuum*, *C. frutescens* L., *C. chinense* Jacq., *C. baccatum* Jacq. y *C. pubescens*; siendo *C. annuum* el más popular e importante de las especies, seguido por *C. frutescens* (Renganathan *et al.*, 2017; Liu *et al.*, 2023; Hasan *et al.*, 2024). Algunas variedades son famosas por su pungencia atribuida al contenido de capsaicina, así como por el color rojo en los frutos debido al pigmento capsantina, y poseen un elevado valor nutritivo principalmente vitaminas A, C, B₁, B₂, E y D, y una elevada cantidad de antioxidantes (FAO, 2006; Hartanto, 2016; Nkansah *et al.*, 2017).

Las poblaciones de *Capsicum* muestran semejanza con su morfometría, por lo que se han caracterizado con base a descriptores morfológicos y agronómicos y en la mayoría de los casos la identificación del germoplasma se realiza normalmente por sus descripciones visuales y parámetros morfológicos. Con el advenimiento de

las herramientas biotecnológicas, diversas estrategias están disponibles para la caracterización y análisis genético del género *Capsicum*, lo cual ha conllevado a su aplicación en el estudio de este recurso fitogenético (Subba *et al.*, 2014; Pérez-Castañeda *et al.*, 2015).

Los marcadores moleculares son útiles para determinar la diversidad genética de material vegetal dentro de una población y entre especies, generando información clave para las colecciones de los bancos de germoplasma. En ese sentido, los marcadores de tipo RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) han sido ampliamente utilizados en caracterización de la diversidad genética en *Capsicum* con fines de mejoramiento genético (González *et al.*, 2011; Pavlovic *et al.*, 2012; Raza *et al.*, 2018). Con base a lo expuesto anteriormente, en el presente estudio se planteó el objetivo de caracterizar molecularmente accesiones de ají de Venezuela mediante el uso de marcadores RAPD.

MATERIALES Y MÉTODOS

El análisis molecular se realizó en el Laboratorio de Genética Molecular del Centro de Investigaciones en Biotecnología Agrícola (CIBA), adscrito a la Coordinación de Investigación de la Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela, Campus Maracay. Se utilizaron plántulas de 12 accesiones de ají del Banco de Germoplasma del INIA-CENIAP, Maracay (Cuadro 1).

Las 12 accesiones del presente estudio fueron obtenidas a través de varios procesos de selección por parte del personal del Banco de Germoplasma INIA-CENIAP basándose en la uniformidad de los frutos para cada accesión. El proceso de selección y multiplicación de semillas se llevó a cabo en una casa de cultivo destinada para tal fin y aunque las especies cultivadas se consideran autógamas puede existir polinización cruzada, lo cual pudiera favorecer la variabilidad genética del género *Capsicum*.

Extracción de ADN

El material vegetal consistió en tejido foliar joven sin daños mecánicos y libre de enfermedades visibles sembradas en bolsas de polietileno y colectado a los 40 días después de la emergencia. Las plántulas estuvieron ubicadas en el invernadero de la Cátedra de Fisiología Vegetal del Instituto de Botánica Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela, Campus Maracay. El tejido vegetal fue transportado al Laboratorio de Genética Molecular del CIBA, en una cava térmica con hielo.

La extracción del ADN se realizó siguiendo la metodología descrita por Dellaporta *et al.* (1983), con algunas modificaciones del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT, Colombia), macerando el tejido foliar en mortero con nitrógeno líquido. En tubos de 1,5 mL se colocó el tejido de cada muestra pulverizado (200 mg) y 940 μ L de tampón de

Cuadro 1. Accesiones de ají (*Capsicum* spp.) del Banco de Germoplasma del INIA-CENIAP.

Accesiones	Procedencia		Latitud	Longitud
	Localidad	Estado		
1. OSP-HOR-12-1048	Cumaná	Sucre	10°27'14''N	64°27'57''O
2. OSP-HOR-11-479	Colonia Tovar	Aragua	10°25'N	67°18'O
3. OSP-HOR-10-995	Maracay	Aragua	10°25'N	67°18'O
4. OSP-HOR-14-727	Margarita	Nueva Esparta	11°01'39''N	63°51'46''O
5. OSP-HOR-10-989	Maracay	Aragua	10°25'N	67°18'O
6. OSP-HOR-10-991	Colonia Tovar	Aragua	10°25'N	67°18'O
7. OSP-HOR-10-988	Colonia Tovar	Aragua	10°25'N	67°18'O
8. OSP-HOR-10-399	Colonia Tovar	Aragua	10°25'N	67°18'O
9. OSP-HOR-14-726	Margarita	Nueva Esparta	11°01'39''N	63°51'46''O
10. OSP-HOR-14-981	Maracay	Aragua	10°25'N	67°18'O
11. OSP-HOR-19-1047	Maracay	Aragua	10°25'N	67°18'O
12. OSP-HOR-19-1046	Maracay	Aragua	10°25'N	67°18'O

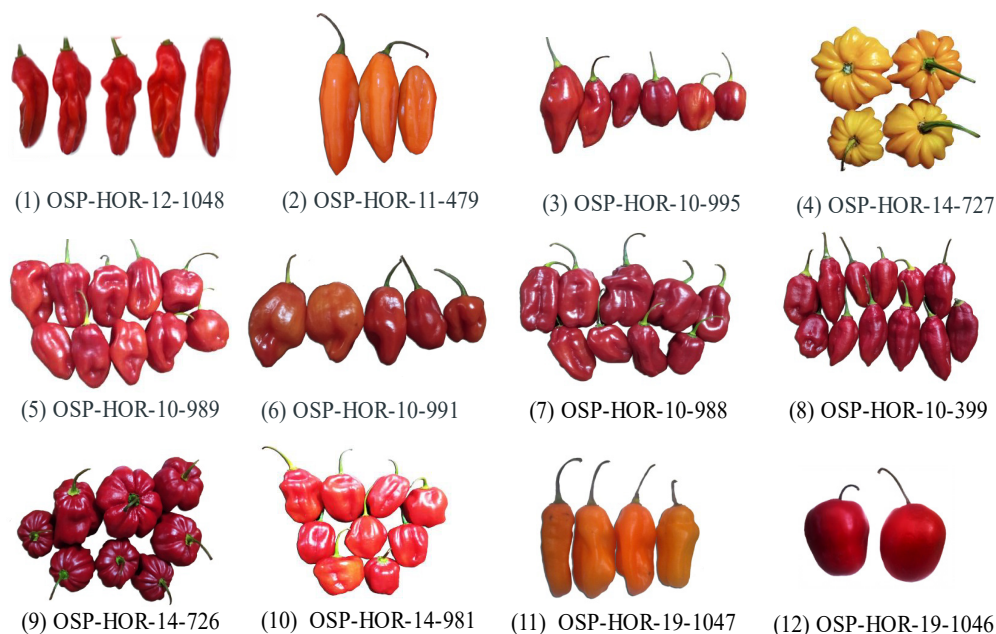


Figura 1. Forma y coloración de los frutos de las 12 accesiones de ají.

extracción (100 mM Tris HCl, pH 8,0; 50 mM EDTA, pH 8,0; 500 mM NaCl; 1,25% SDS). El protocolo se describe a continuación: Los tubos fueron incubados a 65°C durante 45 min, con agitación cada 5 min. Luego se agregó acetato de sodio 5 M (5°C) y se mezcló suavemente e incubó sobre hielo por 30 min. Los tubos fueron centrifugados a 8 000 rpm durante 10 min y el sobrenadante se transfirió a un tubo nuevo con 500 μ L de cloroformo: alcohol isoamílico (24:1), se mezcló por inversión de los tubos y fueron centrifugados en las mismas condiciones antes mencionadas. El sobrenadante se transfirió a un tubo nuevo con 500 μ L de isopropanol (-18°C). Los tubos se dejaron toda la noche a -20°C. Al siguiente día, los tubos se centrifugaron a 10 000 rpm durante cinco min. El sobrenadante fue descartado cuidadosamente y el pellet de ADN fue lavado dos veces con etanol 70%. Se dejaron secar los tubos a temperatura ambiente y el ADN fue hidratado en 50 μ L de tampón TE (50 mM Tris HCl; 0,7 M NaCl; 10 mM EDTA) y almacenados a -20°C hasta su uso.

Visualización de la calidad y cantidad de ADN extraído

La integridad y concentración del ADN se determinó en gel de agarosa 1% con bromuro de etidio (0,5 μ g.mL⁻¹). Se utilizó ADN Lambda

(sin digerir) a concentración conocida (50 y 100 ng. μ L⁻¹), para comparar el ADN de cada muestra y estimar su concentración, cotejando la intensidad de las muestras contra el fago Lambda. La electroforesis se realizó en una cámara modelo FB-SB-1316 (Fisher Scientific, USA) a 80 V durante 45 min en tampón TBE 0,5X (250 mM Tris HCl; 30 mM ácido bórico y 42 mM EDTA). El gel fue visualizado y foto documentado en el analizador de imagen, modelo D55 (UVitec, Cambridge, Reino Unido), para visualizar la integridad y determinar la concentración de ADN.

Amplificación de PCR-RAPD

La PCR-RAPD fue realizada con algunas modificaciones de Angulo *et al.* (2013): la mezcla de la reacción de la PCR consistió de tampón 1X; 2,5 mM MgCl₂; 0,66 mM de cada dNTP (PROMEGA); 0,66 mg. μ L⁻¹ BSA (suero de albúmina bovina, PROMEGA); 1,33 μ M del iniciador; 0,13 U. μ L⁻¹ Taq polimerasa (PROMEGA) y 15 ng. μ L⁻¹ de ADN, para un volumen final de 15 μ L. La amplificación se realizó en un termociclador PTC 100 (BIO-RAD; California, USA) en las siguientes condiciones: desnaturalización inicial a 94°C por 5 min; seguida por 45 ciclos de amplificación a 94°C por 1 min, hibridación a 36°C por 30 s, extensión a 72°C por 2 min; y un ciclo final de extensión a 72°C por 7 min.

Prueba de polimorfismo de RAPD

Inicialmente se evaluaron 12 iniciadores RAPD (Operon Technologies Inc, Alameda, California, USA): OPA 02, OPA 07, OPA 09, OPC 01, OPC 02, OPC 05, OPC 07, OPC 9, OPC 10, OPC 11, OPE 03 y OPE 04 (Williams *et al.*, 1990), y se utilizaron muestras al azar de dos accesiones de ají, para realizar la amplificación y visualización de los productos de PCR en geles de agarosa 1,5% con bromuro de etidio ($0,5 \mu\text{g} \cdot \text{mL}^{-1}$). La electroforesis se realizó durante 2 horas y media a 80V. Los geles se visualizaron y foto documentaron en el analizador de imagen modelo D55 (UVitec, Cambridge, Reino Unido).

Luego de la prueba, se seleccionaron tres RAPD por su poder de resolución y alto polimorfismo, el OPA 02: TGCCGAGCTG; OPE 03: GTGACATGCC y OPE 04: CCAGATGCAC. Finalmente, se aplicaron los protocolos de amplificación estandarizados anteriormente descritos para las 12 accesiones de ají.

Análisis estadístico

Con los datos obtenidos de las amplificaciones de ADN de los 12 materiales, se generó una matriz de presencia ($p = 1$) y ausencia ($a = 0$) por cada banda detectada en los genotipos estudiados y para cada marcador RAPD. La matriz obtenida fue utilizada para calcular el porcentaje de polimorfismo y el contenido de información polimórfica (PIC). Los valores del PIC fueron calculados utilizando la ecuación $[\text{PIC} = 1 - (p^2 + q^2)]$, en la que se consideró la frecuencia de las bandas presentes como p y la frecuencia de bandas ausentes como q y el polimorfismo basado en las frecuencias de individuos homocigotos para el equilibrio de Hardy-Weinberg, para marcadores dominantes (Serrote *et al.*, 2019).

Los valores del PIC de los cebadores se utilizaron para indicar la capacidad discriminatoria de cada RAPD, directamente relacionada con su valor e información polimórfica. Se utilizó el rango de clasificación e interpretación del PIC de marcadores dominantes (Serrote *et al.*, 2019) y la clasificación: bajo (0 a 0,10), medio (0,10 a 0,25), alto (0,30 a 0,40) y muy alto (0,40 a 0,50). Se determinó el rango (pb) de los productos amplificados, por comparación de sus tamaños con el marcador de peso molecular

conocido (1 kb, PROMEGA) y programa de análisis de imágenes de geles (UVitec, Cambridge, Reino Unido). La sumatoria del número total de los fragmentos amplificados fue utilizada para calcular la cantidad de amplicones, para las 12 accesiones de ajíes, de cada cebador RAPD.

La matriz obtenida fue analizada con el programa estadístico PAST 4.03 (Hammer *et al.*, 2001), para determinar los índices de similitud y distancias genéticas Jaccard, realizar el análisis multivariado de conglomerados, generar un árbol de clasificación jerárquica ascendente (dendrograma), mediante el método de la distancia promedio no ponderada (UPGMA) y estimar el coeficiente de correlación cofenética (CCC), para indicar la analogía entre las distancias definidas por la métrica de árbol binario, con las distancias entre los materiales evaluados. Se utilizó la escala de los valores del CCC (Sokal y Rohlf, 1962), para inferir la similitud de la distribución en la estructura jerárquica entre las 12 accesiones ajíes: $>0,9$ (ajuste perfecto); entre 0,7- 0,9 (ajuste intermedio) y $<0,7$ (bajo ajuste). Finalmente, se realizó un análisis de componentes principales (ACP).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del ADN amplificado obtenidos mediante la PCR-RAPD se presentan en las siguientes imágenes. Los cebadores OPA 02, OPE 03 y OPE 04 fueron los de mejor poder para discriminar las diferencias genéticas entre las 12 accesiones de ajíes (Figura 2).

Porcentaje de polimorfismo

Los cebadores OPA 02, OPE 03 y OPE 04 mostraron un total de 39 fragmentos amplificados (amplicones), de los cuales 27 fueron polimórficos (69,23%): 14 del OPA 02, 14 en el OPE 03 y 11 en OPE 04. Los cebadores OPA 02 y OPE 03 presentaron los mayores valores del porcentaje de polimorfismo (71,43% y 78,57%), respectivamente. Mientras que el valor más bajo fue para OPE 04 (42,86%). El rango en pares de bases (pb) de los amplicones estuvo entre 1 045- 5 772 pb y un número total de 301 fragmentos amplificados, para los 12 materiales y los tres cebadores (Cuadro 2).

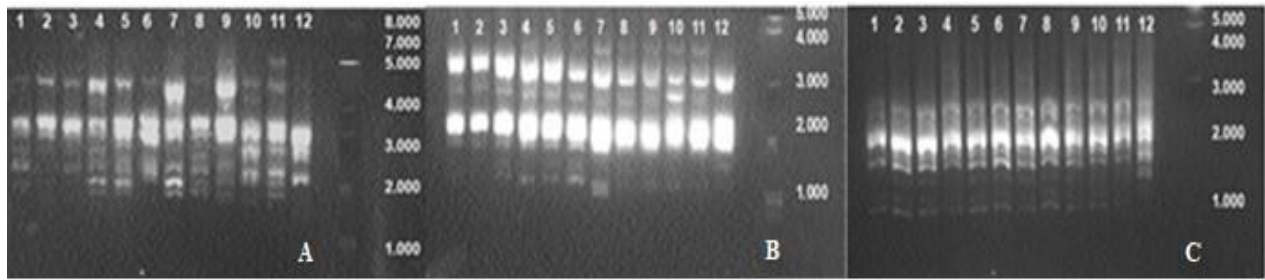


Figura 2. Amplificación PCR-RAPD de 12 accesiones de ajíes (*Capsicum* sp.) en geles de agarosa al 1,5%. A: Perfiles electroforéticos OPA 02. B: OPE 03. C: OPE 04. Carriles 1-12: Accesiones: (1) OSP-HOR-12-1048, (2) OSP-HOR-11-479, (3) OSP-HOR-10-995, (4) OSP-HOR-14-727, (5) OSP-HOR-10-989, (6) OSP-HOR-10-991, (7) OSP-HOR-10-988, (8) OSP-HOR-10-399, (9) OSP-HOR-14-726, (10) OSP-HOR-14-981, (11) OSP-HOR-19-1047 y (12) OSP-HOR-19-1046.

Cuadro 2. Cebadores RAPD utilizados en la caracterización molecular con sus respectivas secuencias y el número de bandas polimórficas generadas, porcentaje (%) de polimorfismo y el PIC, en el estudio de caracterización molecular de 12 de accesiones de ají.

Cebador	Secuencia (5'→3')	Número de bandas	Bandas polimórficas	Polimorfismo (%)	Rango (pb) Productos amplificados	Nº fragmentos amplificados	PIC
OPA 02	TGCCGAGCTG	14	10	71,43	1.453 - 5.772	113	0,30
OPE 03	CCAGATGCAC	14	11	78,57	1.093 - 3.772	96	0,34
OPE 04	GTGACATGCC	11	6	54,55	1.045 - 2.895	92	0,13
Total		39	27			301	

% Polimorfismo = 69,23%

Coficiente de correlación cofenética (CCC) = 0,931

El cebador OPE-03 fue el más informativo al aportar el mayor número de productos de amplificación (amplicones) polimórficos (78,57%). Rana *et al.* (2014), estimaron la diversidad genética entre 24 genotipos *C. annuum* mediante RAPD y de los 30 cebadores utilizados, solo 18 (60%) amplificaron el ADN genómico, entre ellos el OPE 03, para un total de cuatro amplicones y un 25% de polimorfismo. En el presente análisis y para el mismo marcador molecular, se observaron 14 amplicones (78,57% de polimorfismo).

El OPA 02 presentó 14 amplicones, de los cuales 10 fueron polimórficos (71,43%). Estos resultados al compararlos en la identificación molecular de seis variedades de *C. annuum* mediante tres cebadores RAPD (Bobadilla *et al.*, 2017), difieren a los del presente estudio, en el número de fragmentos amplificados y porcentaje de polimorfismo, para el

OPA 02, se observaron 11 amplicones, de los cuales cinco fueron polimórficos (45,45%).

En el estudio de la variabilidad de nueve genotipos de pimentón (*C. annuum*) de un programa de mejoramiento genético mediante marcadores RAPD (González *et al.*, 2011), se utilizaron seis cebadores de la serie OPA. El OPA 02 generó un total de cinco amplicones, de los cuales dos fueron polimórficos (40%), siendo estos resultados menores a los obtenidos en el presente estudio. Es importante resaltar que el OPA 02 fue uno de los cebadores que aportó el menor número de amplicones y porcentaje de polimorfismo, dentro del grupo de cebadores utilizados en su investigación.

Por su parte, Orenthung y Changkija (2013), evaluaron 16 variedades locales de *Capsicum* para estudiar la diversidad genética inter e intraespecífica,

mediante 20 cebadores de la serie OPA, de los cuales sólo obtuvieron productos de amplificación en 16 de ellos y un total de 114 bandas observadas. El OPA 02 presentó ocho amplicones en total (100% polimórficos). De igual manera, Patel (2015), evaluó la variabilidad genética intraespecífica en ocho variedades de *C. annuum* utilizando 15 RAPD de la serie OPA (entre ellos el OPA 02), encontrando que ocho de los cebadores fueron polimórficos y generaron 89 bandas polimórficas. En la investigación de Orenthung y Changkija (2013), el OPA 02 aportó un total de ocho bandas (100% polimórficas). Estos resultados fueron muy similares a los obtenidos en el presente estudio para el porcentaje de polimorfismo.

Se evidenció que el cebador OPA 02 ha sido utilizado para evaluar la variabilidad y el polimorfismo genético entre especies cultivadas del género *Capsicum* y en la mayoría de los trabajos estuvo entre los que aportó la mayor información polimórfica.

Por otra parte, se obtuvieron patrones de bandas únicos para las accesiones OSP-HOR-10-988 y OSP-HOR-19-1046. En el ají de frutos dulces (OSP-HOR-10-988) se evidenció un fragmento exclusivo del cebador OPE 03 (1 002 pb) no presente en las otras accesiones. En el caso del ají de frutos de sabor picante y semillas de color oscuro (OSP-HOR-19-1046), se observaron dos productos de amplificación en el cebador OPE 04 (1 396 y 1 198 pb), los cuales no se observaron en los otros materiales (Figura 2). La presencia de fragmentos únicos en un material puede estar relacionado con la composición genética particular para ese individuo. Los cebadores antes mencionados fueron útiles al distinguir patrones específicos RAPD para esas dos accesiones y una herramienta útil que permitiría diferenciar a esos materiales de ajíes.

En este sentido, como fue reportado por De Jesus *et al.* (2019), los marcadores moleculares garantizan la precisión en los estudios de diferenciación genética, para ser aplicados en los programas de mejoramiento de ajíes.

Contenido de Información Polimórfica (PIC)

Los valores del PIC de los cebadores permitieron indicar la habilidad e importancia de los RAPD y su poder para detectar polimorfismo genético, entre los materiales de ajíes estudiados. Los cebadores

OPA 02, OPE 03 y OPE 04 mostraron valores de PIC: 0,30, 0,34 y 0,13, respectivamente. Los dos primeros cebadores fueron considerados con un valor alto; mientras que el último cebador, con un valor medio, para su información molecular y capacidad de polimorfismo genético (Serrote *et al.*, 2019). Estos resultados denotan que los cebadores OPA 02 y OPE 03 fueron los marcadores con mayor poder de discriminación, en el estudio genético y caracterización molecular entre las 12 accesiones de ajíes.

Las investigaciones realizadas por Orenthung y Changkija (2013) y Patel (2015), reportaron valores PIC para el OPA 02, como alto y muy alto, respectivamente, evidenciando la importancia de este cebador en la caracterización molecular del género *Capsicum*. Resultados similares fueron obtenidos por Rana *et al.* (2014), en el OPE 03 y un valor alto de PIC (0,39). Esta información permitió comprobar que el OPE 03 fue el cebador que presentó mayor información del porcentaje de polimorfismo y un valor alto del PIC, características que lo denotan como un marcador molecular ideal, por su poder de discriminación dentro de los genotipos evaluados; ampliamente utilizado para determinar la diversidad y divergencia genética entre las accesiones; estudiar la genealogía y las relaciones filogenéticas e identificar cultivares en bancos de germoplasma de accesiones del género *Capsicum* (Marquiori *et al.*, 2021).

Hasta la fecha de esta investigación, no se encontró ninguna información publicada sobre el uso del cebador OPE 04 para caracterizar molecularmente a *Capsicum* spp., lo cual representa un aporte científico en los estudios de variabilidad genética en especies cultivadas de éste género.

Índice de similitud de Jaccard

A partir de la información obtenida de la matriz binaria de los patrones de bandas generados por los tres cebadores, se obtuvieron los índices de similitud y distancias genéticas entre las 12 accesiones de ajíes, mediante la distancia de Jaccard (Cuadro 3).

Cuadro 3. Índices de similitud y distancia genética entre las 12 accesiones de ají basados en la distancia genética de Jaccard.

	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	1,00											
2	0,77	1,00										
3	0,62	0,64	1,00									
4	0,40	0,32	0,35	1,00								
5	0,35	0,26	0,38	0,53	1,00							
6	0,23	0,20	0,16	0,32	0,33	1,00						
7	0,08	0,10	0,11	0,08	0,17	0,23	1,00					
8	0,18	0,15	0,11	0,17	0,13	0,23	0,18	1,00				
9	0,13	0,09	0,16	0,16	0,22	0,22	0,35	0,42	1,00			
10	0,04	0,05	0,05	0,08	0,17	0,23	0,18	0,24	0,42	1,00		
11	0,13	0,05	0,05	0,17	0,13	0,29	0,18	0,37	0,42	0,53	1,00	
12	0,04	0,04	0,00	0,03	0,12	0,16	0,12	0,22	0,16	0,33	0,22	1,00

Accesiones: (1) OSP-HOR-12-1048, (2) OSP-HOR-11-479, (3) OSP-HOR-10-995, (4) OSP-HOR-14-727, (5) OSP-HOR-10-989, (6) OSP-HOR-10-991, (7) OSP-HOR-10-988, (8) OSP-HOR-10-399, (9) OSP-HOR-14-726, (10) OSP-HOR-14-981, (11) OSP-HOR-19-1047 y (12) OSP-HOR-19-1046.

Los valores de los coeficientes de similitud y distancias genéticas calculados estuvieron entre 0,00 y 0,77; lo que indicó la existencia de variabilidad genética dentro de las doce accesiones. El índice de similitud y distancia genética entre OSP-HOR-10-995 y OSP-HOR-19-1046 fue el más bajo (0,00) debido a que no se observaron amplicones comunes entre estas dos accesiones y pudiera ser explicado porque la accesión OSP-HOR-19-1046 pertenece a otra especie dentro del género *Capsicum*, posee diferencias morfológicas para sus frutos (forma redondeada, consistencia firme, color rojo oscuro, sabor picante y sus semillas son de color oscuro tendiendo a negro). A diferencia, los frutos de la accesión OSP-HOR-10-995 son moderadamente alargados, huecos en su interior, dulces, de color rojo opaco, con semillas pequeñas y de color crema.

La amplia diversidad morfológica para una lista de descriptores: hoja, flor, fruto, polen y semilla en el género *Capsicum* ha mostrado patrones genéticos diversos entre los materiales evaluados. Esos hallazgos pueden servir de base para el estudio evolutivo y una mayor comprensión de la base genética de las variedades locales de las especies cultivadas (Ortega-Albero *et al.*, 2024). En el presente estudio, el mayor valor de similitud fue 0,77 entre las accesiones OSP-

HOR-12-1048 y OSP-HOR-11-479. Esto pudo deberse a que ambos genotipos poseen frutos dulces, alargados, de forma hueca en su interior, con semillas pequeñas y de color crema. Sin embargo, la forma de los frutos de la accesión OSP-HOR-12-1048 es más alargada y de color rojo, mientras que los de la accesión OSP-HOR-11-479 son anaranjados (Figura 3).

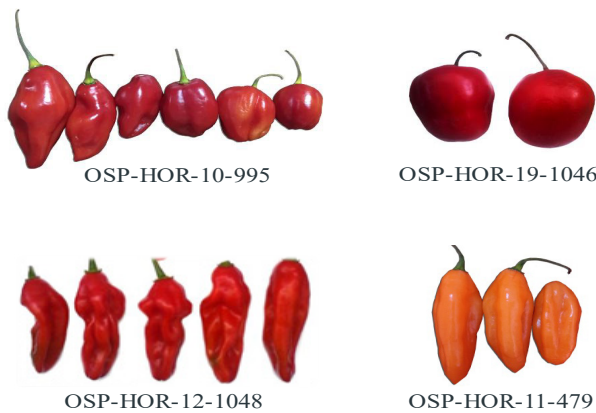


Figura 3. Morfología externa de los frutos para las accesiones de ají con los menores y mayores valores de índices de similitud, basados en la distancia genética de Jaccard.

Los valores de similitud y distancia genética Jaccard en el presente estudio fueron muy parecidos a los reportados por Jiménez (2014) al evaluar 15 cultivares de ají (*Capsicum* sp.) y obtener valores entre 0,17 a 0,69. Al considerar los valores presentados por Patel (2015), estos oscilaron entre 0,21 a 0,89. En ambas investigaciones se concluyó la alta variabilidad genética en el género *Capsicum*.

Análisis multivariado (Dendrograma)

En el análisis de agrupamiento basado en la distancia genética Jaccard y la representación gráfica del dendrograma, se observó la formación de dos grupos discriminantes, utilizando el método de la regla fija a 0,20 de similitud (Figura 4).

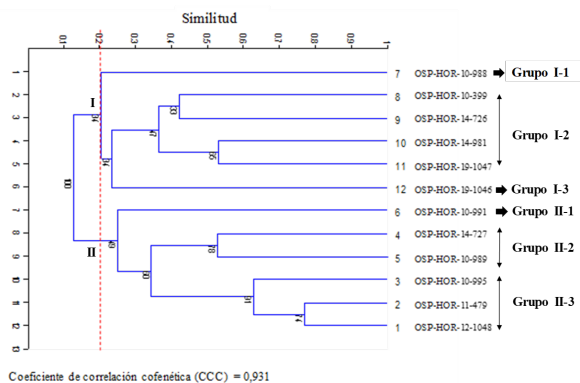


Figura 4. Dendrograma obtenido del análisis de agrupamiento UPGMA y distancia genética de Jaccard para las 12 accesiones de ají de la Unidad de Recursos Fitogenéticos INIA-CENIAP y tres cebadores RAPD (OPA 02, OPE 03 y OPE 04)

El Grupo I se subdividió en tres subgrupos: Grupo I-1: La accesión OSP-HOR-10-988, con una distancia de similitud de 0,20. Esta accesión fue caracterizada en la Unidad de Recursos Fitogenéticos (URF) INIA-CENIAP como un ají dulce. El Grupo I-2: OSP-HOR-10-399 y OSP-HOR-14-981 (ambas ajíes dulces), OSP-HOR-14-726 (ají dulce y de semillas picantes) y OSP-HOR-19-1047 (ají picante), con una distancia de similitud de 0,34; y el Grupo I-3: OSP-HOR-19-1046, con una distancia de similitud de 0,22 (caracterizada como ají picante).

El Grupo II se dividió también en tres subgrupos: Grupo II-1 por la accesión OSP-HOR-10-991, con una distancia de similitud de 0,23; Grupo II-2:

OSP-HOR-14-727 y OSP-HOR-10-989, a una distancia de similitud de 0,53; y el Grupo II-3: OSP-HOR-10-995, OSP-HOR-11-479 y OSP-HOR-12-1048, con una distancia de similitud de 0,62. Todas las accesiones del Grupo II fueron catalogadas por la URF del INIA-CENIAP como ajíes dulces. Estos resultados permitieron confirmar que los grupos aparentemente fueron separados por aquellas accesiones que poseen pungencia y las accesiones que no la poseen, de manera similar a la jerarquización obtenida del dendrograma.

En Venezuela, Jiménez (2014), en su investigación obtuvo un dendrograma que presentó la formación jerárquica de tres grupos principales y subdivididos en dos subgrupos para los 15 cultivares de ají (*Capsicum* sp.), con una alta variabilidad genética. Por su parte, Orenthung y Changkija (2013), observaron la formación de dos grupos principales, con alta variabilidad genética, en el Grupo I la especie *C. chinense* y en el Grupo II las especies *C. annuum* y *C. frutescens*.

De manera que, la caracterización molecular mediante RAPD ha permitido minimizar el riesgo de la pérdida de genes en las colecciones; realizar la evaluación e identificación de accesiones de *Capsicum* spp., en las colecciones de los bancos de germoplasma y detectar diversidad genética entre *C. annuum*, *C. chinense* y *C. baccatum* (Marquiori *et al.*, 2021). Estos autores identificaron dos grupos bien definidos, con subgrupos más pequeños dentro de cada uno y un grupo aislado formado por una accesión de la especie *C. baccatum*. En el grupo 2 estuvieron las accesiones de la especie *C. chinense* y de la especie *C. annuum*. Resultados similares fueron reportados por De Jesus *et al.* (2019), su dendrograma (UPGMA) y coeficiente de Jaccard, generó tres grupos discriminantes, para las accesiones de *Capsicum* del banco de germoplasma de la Universidad Federal de São Carlos y las accesiones se agruparon de acuerdo a las especies: *C. annuum*, *C. chinense* y *C. baccatum* var. Pendulum, a una distancia de similitud de 0,58.

De igual manera, Patel (2015), encontró la formación de dos grupos principales con una alta variabilidad genética, en el primer grupo se ubicó una sola variedad, y el segundo grupo conformó una subdivisión jerárquica en subgrupos para siete variedades de *Capsicum annuum*. Por otro lado, Bobadilla *et al.* (2017), obtuvieron la formación de dos grupos principales y poca variabilidad genética, un grupo conformado por las variedades de polinización libre y

otro con las variedades criollas de calidad (obtenidas del proceso de selección, en los programas de mejoramiento genético). De manera similar, Renganathan *et al.* (2017), identificaron la formación de siete grupos, con poca variabilidad genética entre las 22 accesiones de *Capsicum* spp.

Coeficiente de Correlación Cofenética (CCC)

El CCC del dendrograma fue de 0,931 y se infiere un ajuste perfecto (Sokal y Rohlf, 1962) en la estructura jerárquica de la evaluación molecular RAPD, entre las 12 accesiones de ajíes, permitiendo describir la formación de dos grupos entre las accesiones (Figura 4). Un resultado similar fue obtenido por Jiménez (2014), con un valor de CCC de 0,94.

Análisis de Componentes Principales (ACP)

Se realizó el ACP como otra forma de representar visualmente el ordenamiento de las 12 accesiones y poder observar la ubicación espacial de los grupos conformados, a partir de la mayor similitud genética entre ellas (Figura 5).

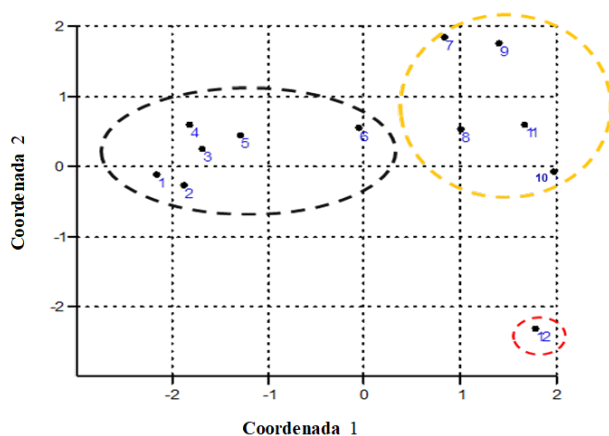


Figura 5. Análisis de agrupamiento de las 12 accesiones de ají a partir del patrón de bandas de los RAPD seleccionados, usando el método de coordenadas principales (ACP). Acciones: (1) OSP-HOR-12-1048, (2) OSP-HOR-11-479, (3) OSP-HOR-10-995, (4) OSP-HOR-14-727, (5) OSP-HOR-10-989, (6) OSP-HOR-10-991, (7) OSP-HOR-10-988, (8) OSP-HOR-10-399, (9) OSP-HOR-14-726, (10) OSP-HOR-14-981, (11) OSP-HOR-19-1047 y (12) OSP-HOR-19-1046 de la Unidad de Recursos Fitogenéticos INIA-CENIAP.

Las dos primeras coordenadas explicaron el 44,88% de la variabilidad acumulada y se evidenció la formación de tres grupos en el ACP. El Grupo I estuvo conformado por las accesiones: (1) OSP-HOR-12-1048, (2) OSP-HOR-11-479, (3) OSP-HOR-10-995, (4) OSP-HOR-14-727, (5) OSP-HOR-10-989 y (6) OSP-HOR-10-991. El Grupo II: (7) OSP-HOR-10-988, (8) OSP-HOR-10-399, (9) OSP-HOR-14-726, (10) OSP-HOR-14-981 y (11) OSP-HOR-19-1047; y finalmente, el Grupo III con la accesión (12) OSP-HOR-19-1046. Estos resultados coinciden con la interpretación realizada en el análisis de agrupamiento (Figura 4).

Los resultados ACP de Marquiori *et al.* (2021), mostraron que la varianza total proporcionada por los dos primeros componentes fue del 81,7% y el primer componente (CP1) representó el valor más alto (60,6%) de variación total. Estos resultados posiblemente estuvieron relacionados con el mayor número de marcadores RAPD utilizados.

El ACP permitió confirmar que la accesión (12) OSP-HOR-19-1046 se separó de manera clara del resto, posiblemente porque fue catalogada en la URG INIA-CENIAP como otra especie del género *Capsicum*.

Resultados similares fueron obtenidos por Jiménez (2014), al reportar la formación de tres grupos bien definidos en la organización jerárquica entre los cultivares de ají. En el ACP, el primer grupo fue formado por 1 cultivar, el segundo grupo fue formado por 4 cultivares y el tercer grupo incluyó los 10 cultivares restantes. Además, se presentaron de manera muy similar a la distribución de los cultivares obtenida en el dendrograma de su investigación.

CONCLUSIÓN

Los cebadores RAPD son una herramienta confiable en la determinación de la caracterización molecular para el género *Capsicum* y permiten estudiar las relaciones genéticas existentes entre los materiales evaluados, agrupados de acuerdo a sus características de forma, color y tamaño de los frutos. Entre los cebadores utilizados, el OPE 02, OPE 03 y OPE 04 fueron los de mejor poder para discriminar las diferencias genéticas entre las 12 accesiones, de los cuales el OPE 03 fue el de mayor información que permitió evaluar la variabilidad y el polimorfismo genético. El OPE 04 contribuye al aporte científico en

los estudios de variabilidad genética. Los agrupamientos del análisis multivariado, separaron las accesiones por la presencia o ausencia de pungencia. Estos estudios pueden servir de base para el establecimiento de estrategias eficientes en la caracterización del género *Capsicum* y el desarrollo de un sistema de marcadores para analizar su estructura y diversidad genética en los programas de mejoramiento.

AGRADECIMIENTOS

Esta investigación fue realizada gracias al Banco de Germoplasma del INIA-CENIAP y al Laboratorio de Genética Molecular (CIBA) de la Facultad de Agronomía (UCV-Maracay).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Angulo, L.; I. Pérez; G. Osorio; C. Ramis; A. Bedoya; S. Molina, S.; D. Infante. 2013. Estudio de la diversidad genética de nueve especies de *Cattleya* utilizando RAPD y ISTR. *Bioagro*, 25 (1): 23-30.
- Barboza, G.; C. Carrizo-García; L. De Bem-Bianchetti; M. Romero; M. Scaldaferrro. 2022. *Monograph of wild and cultivated chili peppers (Capsicum L., Solanaceae)*. *PhytoKeys* (200): 1-423. Disponible en: <https://doi.org/10.3897/phytokeys.200.71667>. [Consultado: 25/08/2023].
- Bobadilla, V.; E. Esparza; L. Delgadillo; P. Gallegos; J. Ayala. 2017. Variedades de chile (*Capsicum annum* L.) identificadas mediante marcadores RAPD. *Tropical and Subtropical Agroecosystems* (20): 465-473. Disponible en: <https://doi.org/10.56369/tsaes.2419>. [Consultado: 23/09/2022].
- De Jesus, R.; G. Santos; A. Piccin; T. Balsalobre; F. Sala; M. Carneiro. 2019. Characterization of pepper accessions using molecular markers linked to pungency and SSR. *Horticultura Brasileira* (37): 152-160. Disponible en: <http://dx.doi.org/10.1590/S0102-053620190205>. [Consultado: 20/03/2023].
- Dellaporta, S.; J. Wood; J. Hicks. 1983. A plant minipreparation: Version II. *Plant Molecular Biology Report* (1): 19-20. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/BF02712670>. [Consultado: 15/02/2020].
- Food and Agriculture Organization (FAO). 2006. Fichas Técnicas. Disponible en: http://www.fao.org/inpho_archive/content/documents/vlibrary/ae620s/index.html. [Consultado: 10/01/2018].
- González, I.; Y. Arias; M. Quiñones; I. Miranda; Y. Rodríguez; B. Peteira. 2011. Variabilidad molecular de genotipos de pimiento (*Capsicum annum* L.) del programa de mejoramiento genético para la resistencia a PVY. *Revista de Protección Vegetal* 26 (2): 69-73.
- Hammer, D.; D. Harper; P. Ryan. 2001. PAST: Palaeontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. *Palaeontología Electronica* 4 (1): 9.
- Hartanto, L. 2016. Red pepper (*Capsicum* spp.) fruit: A model for the study of secondary metabolite product distribution and its management. *AIP Conference Proceeding* (1744): 1-7. Disponible en: <https://doi.org/10.1063/1.4953508>. [Consultado: 18/07/2018].
- Hasan, N.; S. Choudhary; N. Naaz; N. Sharma; S. Ahmad; M. Budakoti; D. Chandra. 2024. Identification and characterization of *Capsicum* mutants using, biochemical, physiological, and single sequence repeat (SSR) markers. *Journal of Genetic Engineering and Biotechnology* 22 (4): 100447. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.jgeb.2024.100447>. [Consultado: 19/01/2025].
- Jiménez, R. 2014. Caracterización morfológica y molecular de ají *Capsicum* sp. en Venezuela. Trabajo de Grado Maestría. Universidad Central de Venezuela, Maracay, Venezuela. p. 80. Disponible en: <http://hdl.handle.net/10872/9423>. [Consultado: 3/09/2018].
- Larekeng, S.; R. Dermawan; H. Iswoyo; K. Mustari. 2019. RAPD primer screening for amplification on Katokkon pepper from Toraja, South Sulawesi, Indonesia. *IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Science* (270): 1-7. Disponible en: <https://doi.org/10.1088/1755-1315/270/1/012023>. [Consultado: 25/02/2023].
- Liu, F.; J. Zhao; H. Sun; C. Xiong; X. Sun; X. Wang; Z. Wang; R. Jarret; J. Wang; B. Tang;

- H. Xu; B. Hu; H. Suo; B. Yang; L. Ou; X. Li; S. Zhou; S. Yang; Z. Liu; F. Yuan; Z. Pei; Y. Ma; X. Dai; S. Wu; Z. Fei; X. Zou. 2023. Genomes of cultivated and wild *Capsicum* species provide insights into pepper domestication and population differentiation. *Nature Communications* (14): 5487. Disponible en: <https://doi.org/10.1038/s41467-023-41251-4>. [Consultado: 20/11/2024].
- Marquiori, P.; C. Mangolin; E. Rodrigues; A. De Almeida-López; J. Neto; M. Da Silva. 2021. Analysis of molecular diversity of *Capsicum* spp. to identify redundant accessions and duplicates within accessions from a germplasm bank. *Journal of Applied Horticulture* 23 (3): 265-273. Disponible en: <https://doi.org/10.37855/jah.2021.v23i03.47>. [Consultado: 9/11/2024]
- Montaño, N. 2000. Efecto de la edad de transplante sobre el rendimiento de tres selecciones de ají dulce (*Capsicum chinense* Jacq.). *Bioagro* 12 (2): 55-59.
- Nkansah, G.; J. Norman; A. Martey. 2017. Growth, yield and consumer acceptance of sweet pepper (*Capsicum annuum* L.) as influenced by open field and greenhouse production systems. *Journal of Horticulture* (4): 216-224. Disponible en: <https://doi.org/10.4172/2376-0354.1000216>. [Consultado: 18/02/2023].
- Nuez, F.; R. Gil; J. Costa. 1996. El cultivo de los pimientos, chiles y ajíes. Ediciones Mindiprensa. Madrid. 607 p.
- Orenthung, N.; S. Changkija. 2013. RAPD marker assisted study on genetic diversity of indigenous chilli (*Capsicum* sp.) landraces of Nagaland, India. *International Journal of Bio-resource and Stress Management* 4 (1): 9-13.
- Ortega-Albero, N.; L. Barchi; A. Fita; M. Díaz; F. Martínez; J. Luna-Prohens; A. Rodríguez-Burruenzo. 2024. Genetic diversity, population structure, and phylogeny of insular Spanish pepper landraces (*Capsicum annuum* L.) through phenotyping and genotyping-by-sequencing. *Frontier. Plant Science* 15: 1435427. Disponible en: <https://doi.org/10.3389/fpls.2024.1435427>. [Consultado: 26/01/2025].
- Patel, K. 2015. Evaluation of intra species genetic variability of *Capsicum annuum* L. through RAPD marker. *International Journal of Advance Research and Innovative Ideas in Education* IJARIIIE 1 (4): 762-767.
- Pavlovic N.; J. Zdravkovic; D. Cvikic; M. Zdravkovic; S. Adžic; S. Pavlovic; G. Šurlan. 2012. Characterization of onion genotypes by use of RAPD markers. *Genetika* 44 (2): 269-278. Disponible en: <https://doi.org/10.2298/GENSRI202269P>. [Consultado: 22/07/2018].
- Peña, L. 2020. Selección de progenitores de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) para la obtención de híbridos con alto potencial productivo. Trabajo de Doctorado. Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.: Yucatán, México.
- Pérez-Castañeda, L.; G. Castañón; M. Ramírez; N. Mayek. 2015. Avances y perspectivas sobre el estudio del origen y la diversidad genética de *Capsicum* spp. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios* 2 (4): 117-128. Disponible en: <https://doi.org/10.19136/era.a2n4.721>. [Consultado: 13/06/2018].
- Rana, M.; R. Sharma; P. Sharma; S. Bhardwaj; M. Sharma. 2014. Estimation of genetic diversity in *Capsicum annuum* L. germplasm using PCR-based molecular markers. *National Academy Science Letters* (37): 295-301. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s40009-014-0236-5>. [Consultado: 10/02/2023].
- Raza, A.; H. Shaukat; Q. Ali; M. Habib. 2018. Assessment of RAPD markers to analyse the genetic diversity among sunflower (*Helianthus annuus* L.) genotypes. *Turkish Journal of Agriculture, Food science and Technology* 6 (1): 107-111. Disponible en: <https://doi.org/10.24925/turjaf.v6i1.107-111.1710>. [Consultado: 08/02/2023].
- Renganathan, P.; C. Ruíz; L. Hernández; D. Prasath; E. Rueda. 2017. Evaluation of genetic diversity in germplasm of paprika (*Capsicum* spp.) using random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. *Journal of Plant Science and Phytopathology* (1): 80-86. Disponible en: <https://doi.org/10.29328/journal.jpsp.1001010>. [Consultado: 28/11/2022].

- Serrote, M.; L. Reiniger; K. Silva; S. Rabaiolli; C. Stefanel. 2019. Determining the polymorphism information content of a molecular marker. *Gene* 726 (1): 144-175. Disponible en: <https://doi.org/10.1016/j.gene.2019.144175>. [Consultado: 20/01/2023].
- Sokal, R.; F. Rohlf. 1962. The comparison of dendrograms by objective methods. *Taxon* 33-40. Disponible en: <https://doi.org/10.2307/1217208>. [Consultado: 21/01/2023].
- Subba, S.; O. Aniel; T. Rupavathi. 2014. Evaluation of genetic diversity in 21 cultivars of chili pepper (*Capsicum annuum* L.) using isozyme markers. *European Journal of Experimental Biology* 4 (6): 44-49.
- Viáfara-Vega, R.; H. Cifuentes; H. Cárdenas-Henao. 2024. Molecular characterization of cultivars of *Capsicum annuum* L. and *Capsicum frutescens* L. (Solanaceae) from Valle del Cauca, Colombia by SSR-HRM technique. *Genetic Resources and Crop Evolution* 72(4): 4539-4550. Disponible en: <https://doi.org/10.1007/s10722-024-02219-5>. [Consultado: 5/03/2025].
- Villota-Cerón, D.; M. Bonilla-Betancourt; H. Carmen-Carrillo; J. Jaramillo-Vásquez; M. García-Dávila. 2012. Caracterización morfológica de introducciones de *Capsicum* spp. existentes en el Banco de Germoplasma activo de Corpoica C.I. Palmira, Colombia. *Acta Agronómica* 61 (1): 16-26.
- Williams, J.; A. Kubelik; K. Livak; J. Rafalski; S. Tingey. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Research* 18: 6531-6535. Disponible en: <https://doi.org/10.1093/nar/18.22.6531>. [Consultado: 14/04/2018].