



UNIVERSITAT  
POLITÈCNICA  
DE VALÈNCIA

# UNIVERSITAT POLITÈCNICA DE VALÈNCIA

Instituto Universitario de Conservación y Mejora de la  
Agrodiversidad Valenciana

Caracterización de la cuarta generación de  
autofecundación (S4) de una población MAGIC en pimiento  
(*Capsicum* spp.)

Trabajo Fin de Máster

Máster Universitario en Mejora Genética Vegetal

AUTOR/A: Ortiz de Zárate Villar, Jesús

Tutor/a: Rodríguez Burruezo, Adrián

Director/a Experimental: Ortega Albero, Neus

CURSO ACADÉMICO: 2023/2024



UNIVERSITAT  
POLITÈCNICA  
DE VALÈNCIA



Instituto de Conservación y Mejora  
de la Agrodiversidad Valenciana

Universitat Politècnica de València

Instituto Universitario de Conservación y Mejora de la  
Agrodiversidad Valenciana

# **Caracterización fenotípica de la cuarta generación de autofecundación (S<sub>4</sub>) de una población MAGIC en pimiento (*Capsicum spp.*)**

Trabajo Fin de Máster

Máster Universitario en Mejora Genética Vegetal

Autor: Jesús Ortiz de Zárate Villar

Tutor académico: Adrián Rodríguez Burruezo

Tutora experimental: Neus Ortega Albero



## Resumen

El pimiento es una de las hortalizas de mayor importancia a nivel mundial. Actualmente, los híbridos F<sub>1</sub> de tipos varietales élite están desplazando a las variedades tradicionales, lo que se traduce en una pérdida de la gran diversidad genética existente en este cultivo. Las poblaciones *Multiparent Advanced Generation Inter-Cross* (MAGIC) permite aumentar la diversidad mediante la combinación de los genotipos de más de dos parentales. Las líneas puras recombinantes derivadas de estas poblaciones constituyen una gran herramienta para realizar *Genome Wide Association Studies* (GWAS), que permiten asociar *Quantitative Trait Loci* (QTL) a fenotipos concretos. En este estudio se llevó a cabo la caracterización fenotípica de la cuarta generación de autofecundación (S<sub>4</sub>) de una población MAGIC de pimiento creada a partir de ocho líneas parentales, analizándose un total de 30 caracteres a través de los descriptores oficiales desarrollados por el Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI) y otros descriptores ampliamente utilizados en pimiento. Se estudió la distribución de los caracteres en la población, encontrando los fenotipos de las líneas parentales representados en la misma junto con fenotipos nuevos e incluso superiores a los de las líneas parentales en algunos caracteres cuantitativos. Se llevó a cabo también un análisis de componentes principales (PCA), donde se observó una estructura poblacional homogénea de la generación S<sub>4</sub>, con las líneas parentales ocupando las posiciones periféricas del análisis. Por último, se realizó un análisis de correlación entre los caracteres estudiados, donde se encontraron un total de 64 correlaciones significativas, entre caracteres tanto del mismo como de distinto grupo, las cuales precisarán de estudios futuros con herramientas adicionales que permitan averiguar la naturaleza de dichas correlaciones.

**Palabras clave:** Pimiento, diversidad genética, MAGIC, caracterización fenotípica, PCA, análisis de correlación

## **Abstract**

Pepper is one of the most important vegetables worldwide. Currently, F<sub>1</sub> hybrids of elite varietal types are displacing traditional varieties, resulting in the loss of the great genetic diversity existing in this crop. Multiparent Advanced Generation Inter-Cross (MAGIC) populations allow for increased diversity by combining the genotypes of more than two parents. The recombinant inbred lines derived from these populations are a great tool for conducting Genome Wide Association Studies (GWAS), which enable associating Quantitative Trait Loci (QTL) with specific phenotypes. In this study, the phenotypic characterization of the fourth self-pollination generation (S<sub>4</sub>) of a MAGIC population of pepper created from eight parental lines was carried out, analyzing a total of 30 traits using the official descriptors developed by the International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI) along with other descriptors widely used in pepper. The distribution of traits in the population was studied, finding the phenotypes of the parental lines represented in it along with new phenotypes and even superior ones to those of the parental lines in some quantitative traits. A Principal Component Analysis (PCA) was also conducted, in which a homogeneous population structure of the S<sub>4</sub> generation was observed, with the parental lines occupying the peripheral positions of the analysis. Finally, a correlation analysis between the studied traits was performed, where a total of 64 significant correlations between traits belonging to the same and different groups were found, which will require future studies with additional tools in order to determine the nature of these correlations.

**Keywords:** Pepper, genetic diversity, MAGIC, phenotypic characterization, PCA, correlation analysis

# ÍNDICE

1	INTRODUCCIÓN .....	1
1.1	Importancia económica del pimiento.....	1
1.2	Breve descripción botánica y taxonomía .....	2
1.3	Origen del pimiento y distribución .....	3
1.4	Retos presentes y futuros del cultivo de pimiento .....	3
1.5	Mejora genética del pimiento.....	4
1.6	Poblaciones MAGIC.....	5
1.7	Objetivos.....	6
2	MATERIALES Y MÉTODOS .....	6
2.1	Material vegetal .....	6
2.2	Siembra y trasplante.....	6
2.2.1	Siembra de semillas en suelo.....	6
2.2.2	Siembra de semillas en placa.....	6
2.2.3	Trasplante .....	7
2.3	Caracterización .....	7
2.4	Análisis estadístico .....	8
3	RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	9
3.1	Distribución de los caracteres en la población.....	9
3.1.1	Caracteres cualitativos.....	9
3.1.2	Caracteres cuantitativos.....	15
3.2	Análisis de componentes principales .....	18
3.3	Estudio de las correlaciones entre caracteres .....	19
4	CONCLUSIONES .....	22
5	REFERENCIAS .....	23
	ANEXO: OBJETIVOS DE DESARROLLO SOSTENIBLE.....	26

# ÍNDICE DE FIGURAS Y TABLAS

## Figuras

<b>Figura 1:</b> Principales productores mundiales de pimiento en el año 2022.....	1
<b>Figura 2:</b> Producción de las principales hortalizas a nivel mundial en el año 2022.....	1
<b>Figura 3:</b> Producción de las principales hortalizas en España en el año 2022.....	2
<b>Figura 4:</b> Cantidades de pimiento exportadas por los principales exportadores a nivel mundial en el año 2022.....	2
<b>Figura 5:</b> Cantidades de pimiento importadas por los principales importadores a nivel mundial en el año 2022.....	2
<b>Figura 6:</b> Esquemas de la creación de una población MAGIC.....	5
<b>Figura 7:</b> Gráficos circulares de la distribución de los caracteres de planta.....	9
<b>Figura 8:</b> Gráficos circulares de la distribución de los caracteres de hoja.....	10
<b>Figura 9:</b> Gráficos circulares de la distribución de los caracteres de flor.....	11
<b>Figura 10:</b> Gráficos circulares de la distribución de los caracteres de fruto.....	14
<b>Figura 11:</b> Análisis de componentes principales de la generación S <sub>4</sub> de una población MAGIC de pimiento.....	19
<b>Figura 12:</b> Gráfico de correlaciones con coeficientes de Pearson para los caracteres estudiados.....	21

## Tablas

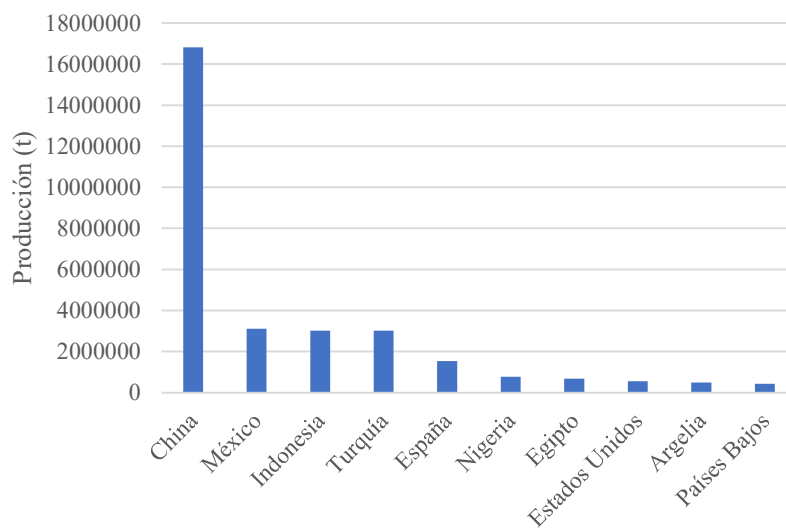
<b>Tabla 1:</b> Descriptores IPGRI de los caracteres estudiados.....	8
<b>Tabla 2:</b> Datos estadísticos obtenidos del análisis de los caracteres cuantitativos en la población MAGIC.....	16

# 1 INTRODUCCIÓN

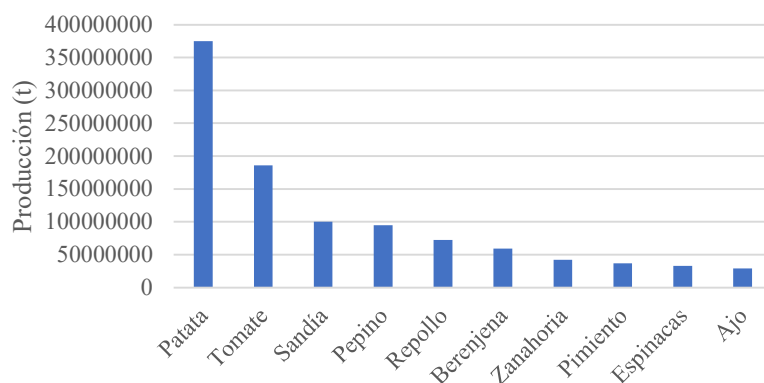
## 1.1 Importancia económica del pimiento

En el año 2022, la producción a nivel global de pimiento fue de  $3.7 \times 10^7$  toneladas (FAOSTAT, 2022), siendo China el principal productor mundial con  $1.68 \times 10^7$  toneladas, alcanzando una producción 5.4 veces superior a la de México, que fue el segundo productor mundial (**Figura 1**). Además, el pimiento es actualmente la octava hortaliza más producida en el mundo, cuyos valores de producción son similares a los de la espinaca o la zanahoria, pero se encuentran muy por debajo de los valores de producción de otras Solanáceas como la patata o el tomate (**Figura 2**).

En España, los datos de producción para pimiento fueron de  $1.53 \times 10^6$  toneladas en el año 2022, siendo solo superados por los del tomate y la patata (**Figura 3**). Además, España es el segundo exportador mundial de pimiento, con una cantidad exportada de  $8.3 \times 10^5$  toneladas en el año 2022, solo superado por México (**Figura 4**). No obstante, el valor de las exportaciones de pimiento españolas fue superior al de las mexicanas, alcanzando un valor de  $1.48 \times 10^9$  dólares (FAOSTAT, 2022). En cuanto a datos de importación, España ocupa el octavo puesto del mundo con una cantidad de pimiento importada de  $9 \times 10^4$  toneladas, siendo Estados Unidos el primer importador mundial con  $1.3 \times 10^6$  toneladas (**Figura 5**).

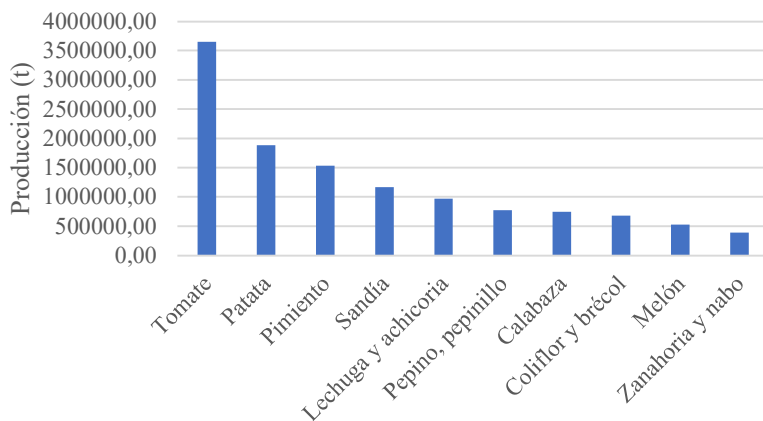


**Figura 1:** Principales países productores mundiales de pimiento en el año 2022 (FAOSTAT).

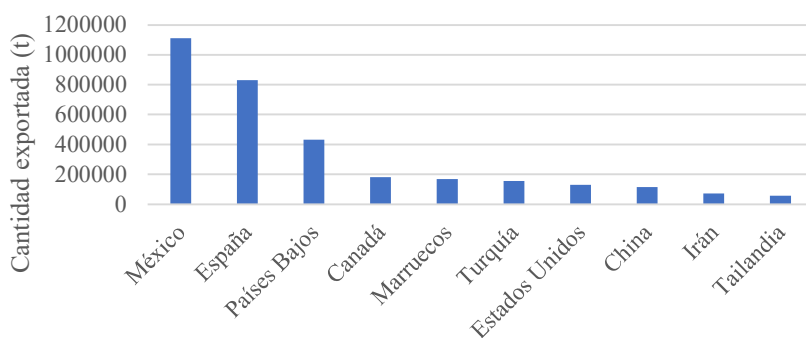


**Figura 2:** Producción (toneladas) de las principales hortalizas a nivel mundial en el año 2022 (FAOSTAT).

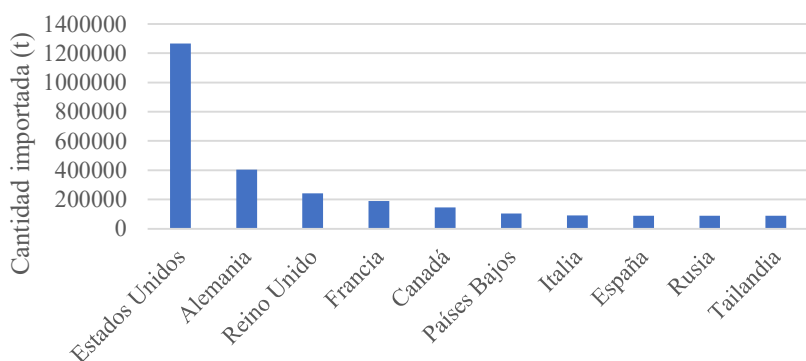




**Figura 3:** Producción (toneladas) de las principales hortalizas en España en el año 2022 (FAOSTAT).



**Figura 4:** Cantidad (toneladas) de pimiento exportada por los principales exportadores a nivel mundial en el año 2022 (FAOSTAT).



**Figura 5:** Cantidad (toneladas) de pimiento importada por los principales importadores a nivel mundial en el año 2022 (FAOSTAT).

## 1.2 Breve descripción botánica y taxonomía

El pimiento es una planta dicotiledónea perteneciente a la familia de las Solanáceas. El género *Capsicum* comprende alrededor de 30 especies, de las cuales solo cinco son cultivadas: *C. annuum*, *C. chinense*, *C. baccatum*, *C. pubescens* y *C. frutescens* (Liu et al., 2013).

Las especies silvestres de *Capsicum* se describen como arbustos perennes cuyos tallos lignifican con el tiempo, mientras que los cultivares comerciales de pimiento se manejan como cultivos anuales (Liu et al., 2013). El pimiento tiene flores hermafroditas y perfectas, normalmente con cinco sépalos y pétalos. El color de los pétalos puede ser blanco, presente en las especies cultivadas, verde o púrpura, presente en las especies más silvestres (Csilléry, 2006). Las especies

cultivadas del género *Capsicum* son fundamentalmente autógamas, aunque también pueden reproducirse de manera alógama en un porcentaje más reducido mediante polinización entomófila (Liu et al., 2013).

Los frutos del pimiento se catalogan como una baya hueca con de dos a cinco lóculos separados por tabiques placentarios incompletos. La forma del fruto es enormemente variable presentando forma globosa, achatada, esférica, cónica, cilíndrica, alargada o incluso rectangular. El color predominante de los frutos en estado maduro es el rojo, aunque también existen variedades de color anaranjado, amarillo, blanco, púrpura o marrón. Los niveles de pungencia del fruto dependen del contenido en alcaloides capsaicinoides, pudiéndose distinguir las variedades de pimientos picantes de las dulces por la presencia de células con forma de ampolla en la placenta (Fornaris, 2005).

### **1.3 Origen del pimiento y distribución**

Numerosos hallazgos arqueológicos confirman que el cultivo y consumo de diversas especies de pimiento comenzó hace al menos 7000 años (Csilléry, 2006). Acerca del origen del pimiento, existen dos hipótesis principales. La primera lo sitúa en Bolivia central (Andrews, 1995; McLeod et al., 1982), región en la que se encuentra la especie ancestral *C. chacoense*, la cual se habría expandido por el continente dando lugar a las especies cultivadas actuales a través de una serie de mutaciones e hibridaciones espontáneas (Csilléry, 2006). La segunda hipótesis sitúa el origen del pimiento en Brasil a lo largo de la selva amazónica (DeWitt & Bosland, 1993), ya que en esta área se puede encontrar la mayor concentración de especies silvestres. Existen al menos dos centros de domesticación, uno en América Central y otro en la región andina de Sudamérica que dan lugar a un gran número de especies y variedades silvestres y cultivadas (Liu et al, 2013).

Cristóbal Colón introdujo el pimiento en Europa en el siglo XV, desde donde se distribuyó rápidamente al continente europeo y, paulatinamente, al resto del mundo. Tras su llegada a Europa Occidental, pimientos tanto picantes como no picantes se comenzaron a cultivar ampliamente (Liu et al., 2013). Durante el siglo XVIII y principios del siglo XIX, en Europa Occidental y Norteamérica se adquirió una preferencia por los pimientos grandes no picantes de tipo morrón (Boswell, 1937), mientras que en Latinoamérica y Asia triunfaron los pimientos picantes. Actualmente, el pimiento es cultivado en latitudes tropicales, subtropicales y templadas de todo el mundo en una gran variedad de condiciones edafoclimáticas (Liu et al., 2013).

### **1.4 Retos presentes y futuros del cultivo de pimiento**

El cultivo del pimiento se enfrenta a numerosos retos que requieren atención y soluciones innovadoras. Un desafío actual importante es la gestión eficiente del agua, especialmente en regiones propensas a la escasez hídrica. El uso de técnicas como el riego deficitario junto con acondicionadores de suelo, como las zeolitas, puede mejorar la eficiencia del uso del agua. Sin embargo, estudios han demostrado que, aunque las zeolitas pueden mejorar la estructura del suelo, no siempre resultan en un aumento significativo del crecimiento del pimiento bajo condiciones de riego deficitario (Castronuovo et al., 2023). Otra solución que ha obtenido buenos resultados ha sido el del empleo de estrategias de gestión hídrica optimizadas, como la utilización de sensores avanzados para monitorizar el rendimiento fotosintético de las plantas en tiempo real y ajustar los horarios de riego en consecuencia. Este enfoque ha demostrado ser efectivo, manteniendo los rendimientos de los cultivos a la vez que se reduce el uso de agua en un 25% (Gardín Agritech & Bayer Crop Science, 2024). Numerosos estudios y proyectos de mejora están enfocándose actualmente en la obtención de variedades con mayor tolerancia a diversos estreses abióticos, empleando enfoques tales como el estudio de los genes que codifican para las *Stress-Associated Proteins* (SAPs) (Bae et al., 2021) o el rol de la prolina exógena en el aumento de la tolerancia a sequía, salinidad y temperaturas extremas (Hosseinifard et al., 2022).

En cuanto a estreses bióticos, los pimientos son susceptibles a una amplia variedad de patógenos, incluidos hongos como *Phytophthora capsici* o *Fusarium*, bacterias como *Xanthomonas*, virus como el *Tobacco Mosaic Virus* (TMV) y nematodos como *Meloidogyne*. Estos patógenos pueden causar pérdidas significativas en los cultivos. La utilización de la gran cantidad de accesiones existente en los bancos de germoplasma en planes de mejora genética con el objetivo de incorporar resistencias durables ha demostrado ser una herramienta eficiente para desarrollar variedades de pimiento resistentes a estas enfermedades (Parisi et al., 2020).

Otro reto crítico es la degradación del suelo y la disminución de la biodiversidad microbiana, especialmente en cultivos bajo invernaderos de plástico, donde se produce la mayor parte de la producción. La investigación ha demostrado que estos métodos de cultivo pueden reducir significativamente la riqueza y diversidad fúngica en el suelo, afectando negativamente el equilibrio ecológico y la salud de las plantas. Un estudio reciente sobre la comunidad fúngica en los suelos de la rizosfera de pimientos cultivados en invernaderos de plástico reveló cambios en la estructura y función del microbioma del suelo, con un aumento en la abundancia de ciertos géneros de hongos con características de biocontrol, como *Purpureocillium* y *Arthrobotrys* (Yao et al., 2020).

La incertidumbre climática también presenta desafíos importantes. En China, la producción de pimientos varía significativamente entre regiones, con diferencias en temperatura, humedad y precipitaciones que afectan al rendimiento de los cultivos. En el norte de China, los veranos frescos con grandes diferencias de temperatura diurna-nocturna favorecen altos rendimientos, mientras que, en el sur, las altas temperaturas y la humedad durante el verano pueden reducir el rendimiento y aumentar la proliferación de patógenos microbianos (Zou & Zou et al., 2021).

Los retos futuros en el cultivo del pimiento están ligados al cambio climático, con nuevos desafíos como el aumento de temperaturas, eventos climáticos extremos asociados con cambios en la distribución de plagas y enfermedades. Estos factores pueden afectar negativamente al rendimiento y la calidad del pimiento. Adaptar las prácticas agrícolas y desarrollar cultivares más resilientes son estrategias cruciales para mitigar estos impactos (Parisi et al., 2020). Además, la creciente demanda de prácticas agrícolas sostenibles requiere la adopción de técnicas que minimicen el impacto ambiental y optimicen la utilización de recursos. Esto incluye el uso de biofertilizantes, control biológico de plagas y el manejo integrado de cultivos (Castronuovo et al., 2023).

### **1.5 Mejora genética del pimiento**

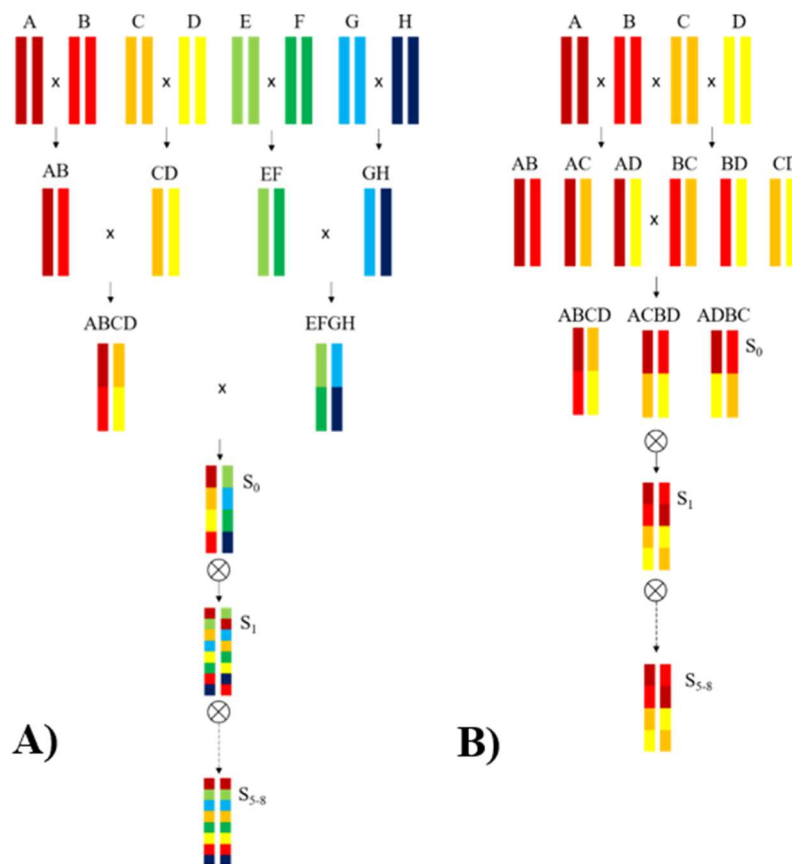
Para la mejora genética del pimiento se han empleado multitud de métodos clásicos, tales como selección masal, selección familiar, descendencia de semilla única (SSD), retrocruzamiento e hibridación (Srivastava & Mangal, 2019). Sin embargo, es necesario aumentar la eficacia de la producción de variedades híbridas de pimiento, para lo cual se están desarrollando técnicas biotecnológicas como la androesterilidad génica y citoplásmica, aunque el uso de esta última es limitado en pimientos de tipo morrón debido a su inestabilidad a baja temperatura y a la ausencia de genes restauradores de la fertilidad eficaces (Devi et al., 2021).

En este sentido, la mejora genética del pimiento ha avanzado significativamente en las últimas décadas gracias al desarrollo de nuevas tecnologías y metodologías moleculares. Uno de los principales métodos utilizados en la mejora genética del pimiento es el uso de marcadores moleculares para realizar una selección asistida (MAS) (Lozada et al., 2022). Además, el avance de las tecnologías de secuenciación ha permitido la aplicación de estudios de asociación génica (*Genome Wide Association Studies*, GWAS). Estos estudios permiten identificar *Quantitative Trait Loci* (QTL) asociados a fenotipos específicos en el pimiento. Por ejemplo, estudios de tipo GWAS han sido empleados para examinar la base genética de distintos rasgos en pimiento, incluyendo el contenido de capsaicinoides, la respuesta a infecciones por *Phytophthora capsici* y

diversos parámetros del fruto, tales como peso, longitud y ancho. Otra técnica novedosa actualmente empleada es el *Whole Genome Sequencing* (WGS), gracias a la cual el conocimiento del genoma del pimiento ha aumentado considerablemente, lo cual repercute en la posibilidad de realizar programas de mejora de pimiento dirigidos y más eficaces (Kim et al., 2014; Qin et al., 2014).

### 1.6 Poblaciones MAGIC

Las poblaciones *Multiparent Advanced Generation Inter-Cross* (MAGIC) representan un gran avance en la genética y mejora de cultivos. Estas poblaciones se generan a partir del cruce de múltiples progenitores, seguido de varias generaciones de cruzamientos de los híbridos y auto-polinización, lo que resulta en una amplia diversidad genética y recombinación. Los cruces pueden seguir un esquema de tipo dialelo (**Figura 6B**) o de tipo embudo (**Figura 6A**), que es el que se empleó para la construcción de la población en la que se basa este trabajo. La metodología MAGIC ofrece ventajas sobre las poblaciones biparentales tradicionales, que suelen tener una variabilidad genética más limitada y un menor grado de recombinación (Huang et al., 2012).



**Figura 6:** Esquemas de la creación de una población MAGIC tipo embudo (A) y tipo dialelo (B), donde cada letra representa uno de los genomas parentales.

Una de las principales ventajas de las poblaciones MAGIC es su capacidad para aumentar la resolución en el mapeo de QTL debido a la mayor recombinación y mayor variabilidad genética que ofrecen. Además, las poblaciones MAGIC permiten la identificación de efectos epistáticos y la interacción entre múltiples loci, lo cual es crucial para comprender la genética de caracteres complejos (Cavanagh et al., 2008). Como ejemplo, en Bandillo et al. (2013) se utilizó una población MAGIC de arroz para mapear QTL asociados con la resistencia a enfermedades y la calidad del grano, obteniendo resultados con alta resolución.

La diversidad contenida en estas poblaciones puede ser explotada para obtener nueva información genética e introducirla en programas de mejora, para aumentar la adaptabilidad y resistencia de los cultivos. Por ejemplo, en Mackay et al. (2014) se utilizó una población MAGIC de trigo para identificar alelos que contribuirían a la resistencia a enfermedades y la eficiencia en el uso de nutrientes, demostrando el potencial de estas poblaciones para mejorar la sostenibilidad agrícola y en Dell'Acqua et al. (2015) se empleó una población MAGIC de maíz para identificar variantes genéticas que afectarían al rendimiento y la tolerancia al estrés, proporcionando información valiosa para futuros planes de mejora.

### **1.7 Objetivos**

Los objetivos que se plantearon para la realización de este trabajo son:

- 1) Caracterización fenotípica de la cuarta generación de autofecundación S<sub>4</sub> de una población MAGIC de pimiento (*Capsicum annuum*) mediante descriptores relacionados con crecimiento de la planta, desarrollo de la hoja, flor, producción de fruto y viabilidad del polen.
- 2) Estudio estadístico de la presencia y fijación de los caracteres presentes de los parentales en la población S<sub>4</sub> mediante un análisis de componentes principales y un estudio de correlaciones.

## **2 MATERIALES Y MÉTODOS**

### **2.1 Material vegetal**

En este estudio se analizaron 254 líneas de la cuarta generación de autofecundación (S<sub>4</sub>) de una población MAGIC de pimiento, y sus ocho líneas parentales: California Wonder amarillo (*C. annuum*), Ecu-994 (*C. chinense*), Chile Serrano (*C. annuum*), Ají dulce (*C. chinense*), Bola (*C. annuum*), Pasilla bajío (*C. annuum*), Serrano Criollo de Morelos (*C. annuum*) y Piquillo (*C. annuum*).

La población MAGIC se desarrolló según esquema de embudo (**Figura 6A**). Se realizaron cruzamientos dos a dos entre los ocho parentales, obteniéndose cuatro híbridos simples. Con dichos híbridos simples, se realizaron nuevamente los cruzamientos dos a dos para obtener dos híbridos dobles. Los híbridos dobles se cruzaron múltiples veces durante un periodo de cultivo entre sí y en ambas direcciones para obtener la máxima recombinación genética. Al final, se obtuvieron 420 líneas híbridas cuádruples (generación S<sub>0</sub>). Finalmente, las líneas obtenidas se propagaron por autofecundación siguiendo el método de descendencia de semilla única (SSD) hasta obtener la generación S<sub>4</sub>.

### **2.2 Siembra y trasplante**

#### **2.2.1 *Siembra de semillas en suelo***

Se desinfectaron 7 semillas de cada línea de la generación S<sub>4</sub> envueltas en tela de rejilla mediante agitación en hipoclorito sódico al 20% durante 30 minutos. Tras aclarar con agua desionizada, las semillas se sembraron en sustrato húmedo (Neuhaus Huminsubstrat N3) colocado sobre bandejas de alveolos de 12x7; disponiendo 12 líneas y 7 réplicas de cada línea por bandeja.

#### **2.2.2 *Siembra de semillas en placa***

Las líneas con un número de semillas insuficiente o cuyas semillas no mostraran morfologías óptimas para germinar fueron sembradas en placa Petri (90 mm diámetro). Para ello, se desinfectaron de 2 a 10 semillas de cada línea S<sub>4</sub> envueltas en tela de rejilla mediante agitación en hipoclorito sódico al 20% durante 20 minutos. Tras aclarar en agua desionizada durante 5 minutos, las semillas se sembraron en placas Petri con papel filtro sobre base de algodón

humedecidos con agua desionizada. A las semillas de cada placa se les aplicó fungicida *Tiram* 2g/L. Las placas se guardaron en cámara de germinación con fotoperiodo 16/8 h, temperatura de 15° C y una humedad relativa del 78%. Una vez las plántulas germinadas exhibieron la radícula y los dos cotiledones fueron trasplantadas a sustrato húmedo en bandejas de alveolos de 12x7, disponiendo una línea con número variable de réplicas por cada una de las 12 columnas.

### **2.2.3 Trasplante**

Una vez las plántulas alcanzaron el estadio de tres a cuatro hojas verdaderas, se realizó el trasplante de las mismas a invernadero sobre macetas de 30 cm de diámetro x 25 cm de altura con fibra de coco. Se colocaron tres plántulas de cada línea por maceta para posteriormente dejar para su desarrollo la más vigorosa de cada trío.

### **2.3 Caracterización**

Se realizó una caracterización fenotípica de los parentales y la población S<sub>4</sub> mediante 30 descriptores, 23 desarrollados para pimiento por el Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI, 1995) junto a otros 7 caracteres usados tradicionalmente en pimiento (**Tabla 1**).

Los caracteres de planta y de hoja se observaron en plantas adultas una vez aclimatadas a condiciones de invernadero y con las técnicas de poda y entutorado recomendadas para el cultivo del pimiento. Para caracteres de flor, se observaron el conjunto de las flores de cada línea para asegurar que el descriptor era consistente. El color de las anteras se observó en el momento previo a la anthesis mientras que el color del filamento y la ejerción del estigma se observaron posteriormente a la anthesis. Los caracteres de fruto fueron evaluados en cinco frutos maduros a excepción de manchas antocianínicas y color del fruto en estado intermedio que se evaluaron en cinco frutos en estado inmaduro. El color del fruto en estado maduro fue evaluado mediante el descriptor cualitativo 7.2.2.6. y, adicionalmente, mediante un colorímetro CR-400 (Konica Minolta Sensing Americas), anotando los valores de L\*, A\* y B\*. Se evaluó la firmeza del pericarpio de frutos maduros aplicando presión con los dedos, dando valores de 0 (deformable, se mantiene la deformación) y 1 (indeformable, el pericarpio vuelve al estado original).

Para estimar la viabilidad del polen se realizaron 3 ensayos. Para evaluar la viabilidad morfológica y bioquímica, se depositó el polen de entre dos y cuatro flores abiertas por línea S<sub>4</sub> sobre un portaobjetos mediante agitación manual. A continuación, se tiñó el polen con una gota de tetrazolio al 0,5%, se colocó un cubreobjetos sobre el polen teñido y se guardó en oscuridad a temperatura ambiente durante 15 minutos. Transcurrido ese tiempo, se observaron las preparaciones de polen al microscopio óptico SE (Nikon Instruments Inc.) a un aumento de 10 y en cuatro campos de visión y se realizó el conteo visual de granos de polen morados (teñidos), redondos sin teñir y arrugados sin teñir, obteniéndose valores medios de los cuatro campos. La viabilidad morfológica se calculó como el número de granos redondos (teñidos y sin teñir) frente al total (redondos y arrugados) (%), mientras que la viabilidad bioquímica se calculó como el número de granos redondos y teñidos frente al total (granos redondos-teñidos, redondos sin teñir y arrugados) (%). Para la viabilidad germinativa, se prepararon tubos Falcon de 15 mL con 375 µL de medio de germinación (H<sub>3</sub>BO<sub>3</sub> 100 ppm, sacarosa 10%). Posteriormente, se introdujo el polen de entre dos y cuatro flores abiertas por planta mediante agitación manual en cada uno de los tubos, que fueron mantenidos en agitación constante en una noria F 200 (FALC Instruments SLR) a temperatura ambiente durante cinco horas para promover el crecimiento de los tubos polínicos. Transcurrido ese tiempo, se añadieron 150 µL de carmín glicerinado a cada tubo y se dejaron teñendo 20 minutos en oscuridad a temperatura ambiente. Se pipetearon 100 µL de solución con polen germinado sobre un portaobjetos y se observaron las muestras al microscopio óptico SE (Nikon Instruments Inc.). Se realizó el conteo visual de los granos de polen en los que había surgido el tubo polínico a 10 aumentos en cuatro campos de visión. La viabilidad

germinativa se calculó como el número de granos donde se observaba la germinación del tubo polínico respecto del total de granos, obteniéndose valores medios de los cuatro campos (%).

**Tabla 1:** Descriptores utilizados para la caracterización de la población, número IPGRI (cuando corresponda), y escala de valores.

Descriptor	Número IPGRI	Escala
<b>Caracteres de planta</b>		
Color de tallo	7.1.2.2	1 = Verde, 2 = Verde con rayas púrpura, 3 = Morado
Antocianina del nudo	7.1.2.3	1 = Verde, 3 = Morado claro, 5 = Morado, 7 = Morado oscuro
Pubescencia del tallo	7.1.2.5	1 = Escasa, 3 = Intermedia, 5 = Densa
Longitud del tallo	7.1.2.9	mm
<b>Caracteres de hoja</b>		
Densidad foliar	7.1.2.13	3 = Escasa, 5 = Intermedia, 5 = Densa
Color de hoja	7.1.2.14	1 = Amarillo, 2 = Verde claro, 3 = Verde, 4 = Verde oscuro, 5 = Morado claro, 6 = Morado, 7 = Variegado
Forma de hoja	7.1.2.15	1 = Deltoide, 2 = Oval, 3 = Lanceolada
<b>Caracteres de flor</b>		
Nº de flores por axila	7.2.1.2	-
Posición de la flor	7.2.1.3	3 = Pendiente, 5 = Intermedia, 7 = Erecta
Color de las anteras	7.2.1.8	1 = Blanco, 2 = Amarillo, 3 = Azul pálido, 4 = Azul, 5 = Morado
Color del filamento	7.2.1.10	1 = Blanco, 2 = Amarillo, 3 = Verde, 4 = Azul, 5 = Morado claro, 6 = Morado
Exerción del estigma	7.2.1.12	3 = Inserto, 5 = Al mismo nivel, 7 = Exerto
<b>Caracteres de fruto</b>		
Margen del cáliz	7.2.1.15	3 = Liso, 5 = Intermedio, 7 = Dentado
Manchas antocianínicas	7.2.2.2	0 = Ausente, 1 = Presente
Color del fruto inmaduro	7.2.2.3	3 = Verde claro, 5 = Verde, 7 = Verde oscuro
Color del fruto maduro	7.2.2.6	1 = Blanco, 2 = Amarillo-limón, 3 = Amarillo-naranja pálido, 4 = Amarillo-naranja, 5 = Naranja pálido, 6 = Naranja, 7 = Rojo claro, 8 = Rojo, 9 = Rojo oscuro, 10 = Morado, 11 = Marrón, 12 = Negro
Luminosidad del fruto maduro (CIELab L*)	-	[0-100] de negro a blanco
Valor verde-rojo fruto maduro (CIELab A*)	-	[Negativo – Positivo] de verde a rojo
Valor azul-amarillo fruto maduro (CIELab B*)	-	[Negativo – Positivo] de azul a amarillo
Forma del fruto	7.2.2.7	1 = Elongado, 2 = Casi redondo, 3 = Triangular, 4 = Acampanulado, 5 = Acampanulado y en bloque
Longitud del fruto	7.2.2.8	mm
Ancho del fruto	7.2.2.9	mm
Peso del fruto	7.2.2.10	g
Forma del ápice del fruto	7.2.2.15	1 = Puntudo, 2 = Romo, 3 = Hundido, 4 = Hundido y puntudo
Nº de lóculos	7.2.2.18	-
Persistencia del pedicelo	7.2.2.20.1	3 = Fácil, 5 = Intermedia, 7 = Persistente
Firmeza de la carne	-	0 = Deformable, 1 = Indeformable
<b>Viabilidad del polen</b>		
Viabilidad morfológica	-	%
Viabilidad biológica	-	%
Viabilidad germinativa	-	%

## 2.4 Análisis estadístico

Se utilizó el software Statgraphics Centurion XIX (Statpoint Technologies) para realizar un análisis de componentes principales (PCA) empleando todos los datos fenotípicos obtenidos de la población y un estudio de correlaciones entre descriptores con el coeficiente de Pearson ( $p < 0.05$ ).

# 3 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

## 3.1 Distribución de los caracteres en la población

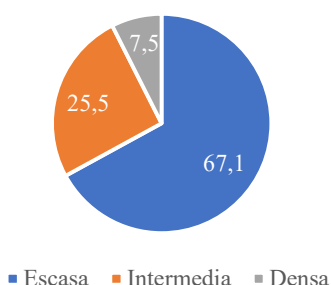
### 3.1.1 *Caracteres cualitativos*

Los caracteres cualitativos de planta estudiados fueron pubescencia del tallo, color del tallo y color de los entrenudos. Para la pubescencia del tallo, la mayoría de líneas presentaron pubescencia escasa (67.1%) (**Figura 7A**). Cinco de las ocho líneas parentales exhibieron también pubescencia escasa, lo que explicaría que la mayor parte de las líneas se agrupen dentro de esta clase. Por el contrario, tan solo el parental “Chile Serrano” presentó pubescencia densa, lo que en la población se ha traducido en un 7.5% de líneas exhibiendo este fenotipo.

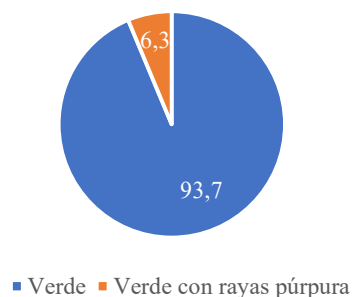
En cuanto al color del tallo, prácticamente la totalidad de las líneas (93.7%) presentaron tallos verdes (**Figura 7B**). Los tallos de todas las líneas parentales fueron descritos como verdes, lo cual hace llamativo el hecho de que en la población aparezcan un 6.3% de líneas de tallo verde con rayas púrpura que se deberían a reordenamientos génicos que permitirían la exhibición de fenotipos ausentes en los parentales y que se encontrarían ocultos debidos a interacciones génicas o recesividad.

Por último, se encontraron líneas con colores de los entrenudos pertenecientes a cuatro clases distintas: el 12.6% de las líneas exhibieron entrenudos verdes, 11% morados claros, 41.7% morados y 34.6% morados oscuros (**Figura 7C**). Esta distribución de fenotipos en la población es representativa de lo observado en las líneas parentales, donde dos de ellas presentaron entrenudos verdes, una entrenudos morados claros, cuatro de ellas entrenudos morados y una de ellas entrenudos morados oscuros.

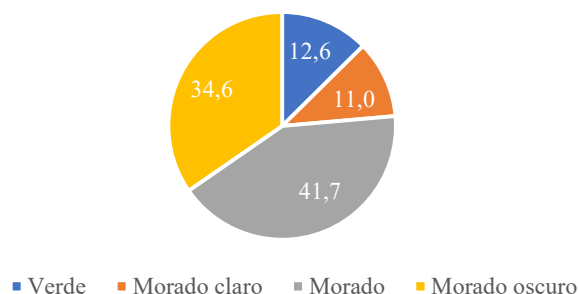
A. Pubescencia del tallo



B. Color del tallo



C. Color de entrenudos



**Figura 7:** Gráficos circulares que muestran en porcentaje (%) la cantidad de líneas de la población MAGIC pertenecientes a las distintas clases de los descriptores para los caracteres de planta cualitativos: pubescencia del tallo (A), color del tallo (B) y color de entrenudo (C).

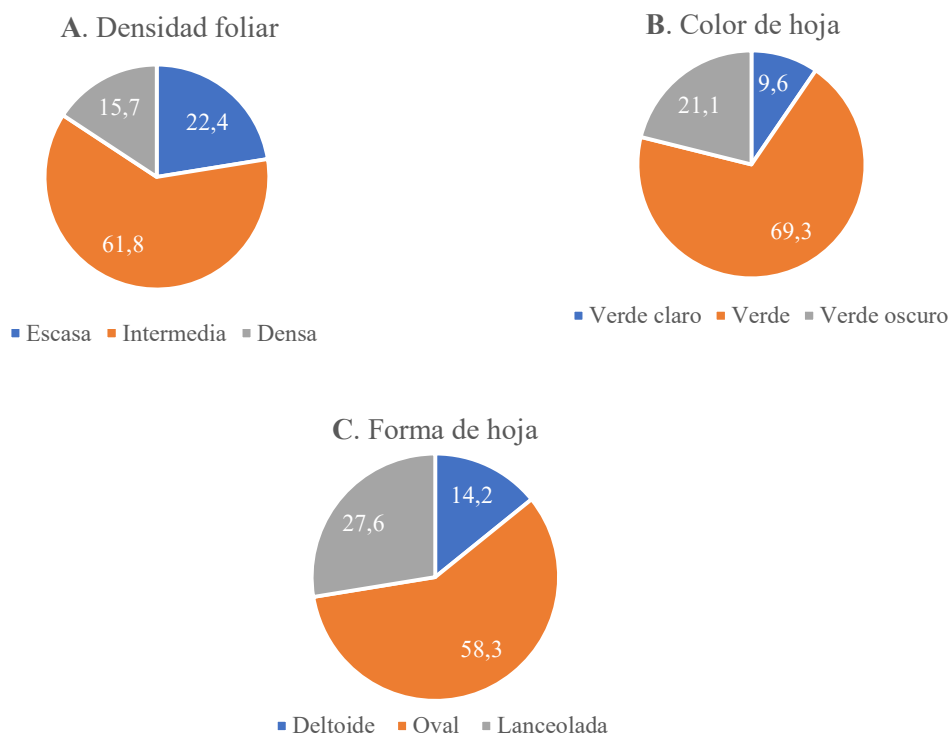


Los caracteres cualitativos de hoja estudiados fueron densidad foliar, color de hoja y forma de hoja. Para la densidad foliar, un 22.4% de las líneas exhibieron densidad escasa, un 61.8% intermedia y un 15.7% densa (**Figura 8A**), lo cual es representativo de lo observado en las ocho líneas parentales, donde cuatro de ellas mostraron densidad intermedia, dos escasa y dos densa.

En cuanto al color de hoja, se obtuvo un 9.6% de líneas con hojas de color verde claro, un 69.3% de color verde y un 21.1% de color verde oscuro (**Figura 8B**). En el caso de las líneas parentales, cinco de ellas mostraron hojas verdes, dos de ellas hojas verdes claras y solo una de ellas hojas verdes oscuras. Teniendo en cuenta los datos de las líneas parentales, se podría esperar una mayor representación del color verde claro en la población y una menor representación del color verde oscuro. Por tanto, el fenotipo color oscuro en hoja se ha fijado en la población y, consecuentemente, se ha logrado la fijación génica del genotipo parental.

Por último, para la forma de hoja se observó un 14.2% de líneas con hojas de forma deltoide, un 58.3% con hojas de forma oval y un 27.6% de hojas con forma lanceolada (**Figura 8C**). Esta distribución concuerda con lo observado en las líneas parentales, donde cuatro de ellas mostraron forma oval en sus hojas, dos forma deltoide y dos forma lanceolada.

En general, la distribución fenotípica observada es similar en los tres caracteres de hoja; más del 50% de las líneas poseen el fenotipo intermedio (densidad foliar intermedia, color de hoja verde y forma de hoja oval), mientras que los otros dos fenotipos de cada carácter son minoritarios. Por tanto, se puede decir que el valor más presente en las líneas parentales también parece estar más presente en la población segregante así como se ha visto en el caso de color de entrenudos, densidad foliar y color de hoja. Sin embargo, se han fijado valores y, por tanto, regiones génicas de los parentales en la población S<sub>4</sub>.



**Figura 8:** Gráficos circulares que muestran en porcentaje (%) la cantidad de líneas de la población MAGIC pertenecientes a las distintas clases de los descriptores para los caracteres de hoja estudiados: densidad foliar (A), color de hoja (B) y forma de hoja (C).

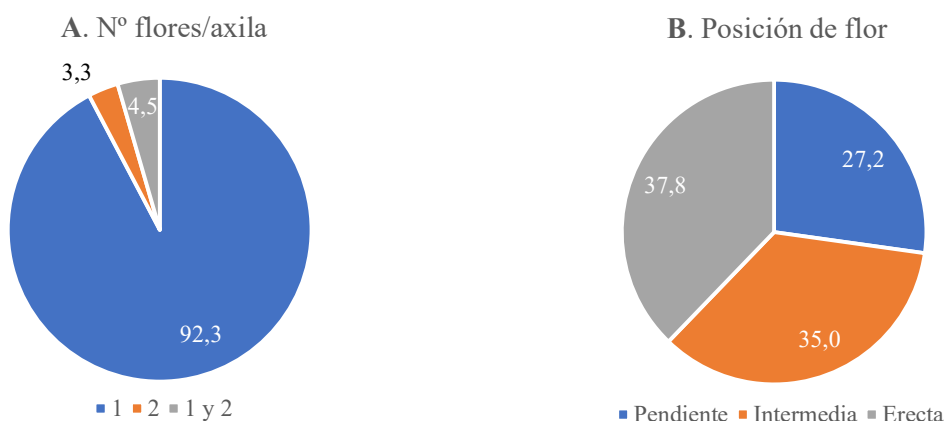
Los caracteres cualitativos de flor estudiados fueron número de flores por axila, posición de flor, color de las anteras, color de los filamentos y ejerción del estigma. Para el número de flores por axila, la práctica totalidad de las líneas exhibieron una sola flor por axila (92.3%), un 3.3% exhibieron 2 flores por axila y un 4.5% exhibió tanto una como dos flores por axila (**Figura 9A**). De las ocho líneas parentales, todas mostraron una flor por axila salvo el parental “Ají dulce”, que mostró dos flores por axila, lo que explicaría la escasa aparición de dos flores por axila en la población.

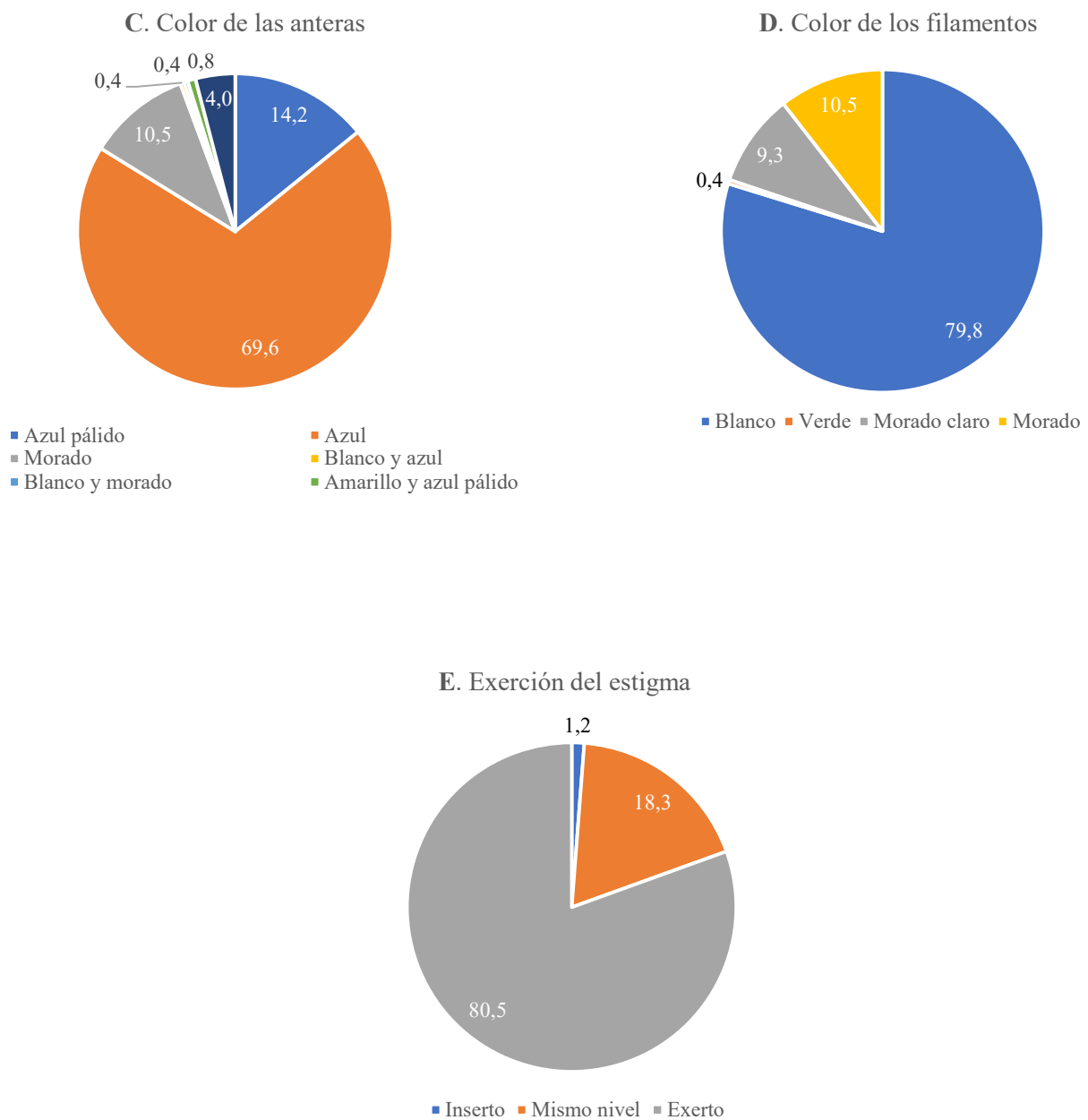
En cuanto a la posición de flor, un 27.2% de las líneas mostraron flores pendientes, un 35% flores intermedias y un 37% flores erectas (**Figura 9B**). No se observaron flores pendientes en las líneas parentales, por tanto, la aparición de este fenotipo en la población segregante indica que la recombinación génica ha dado como resultado nuevos haplotipos que, además, se han fijado durante las generaciones de autofecundación.

El color de las anteras predominante en la población fue el azul con un 69.6% de las líneas (**Figura 9C**), seguido del azul pálido y el morado con representaciones del 14.2 y 10.5%, respectivamente. Combinaciones de colores como blanco y azul, blanco y morado, amarillo y azul pálido o amarillo y azul aparecieron en porcentajes minoritarios. En el caso de las ocho líneas parentales, cinco de ellas mostraron anteras azules, lo que justificaría la predominancia del color azul en la población.

Para los filamentos, el color más abundante en la población fue el blanco, presente en un 79.8% de las líneas, seguido del morado y el morado claro con representaciones del 10.5 y 9.3%, respectivamente (**Figura 9D**). El color de filamento verde fue minoritario con tan solo un 0.4% de las líneas. Por su parte, siete de las ocho líneas parentales exhibieron filamentos blancos salvo “Ají dulce”, que los tenía morados, lo cual explicaría la abundancia de filamentos blancos en la población, así como la escasez de filamentos morados y morados claros. Sin embargo, pese a ser un 12,5% del genoma parental, el fondo genético de “Ají Dulce” se ha mantenido en la población.

Por último, en el caso de la ejerción del estigma se observó una predominancia de los estigmas exertos (80.5%) frente a los estigmas al mismo nivel (18.3%) e insertos (1.2%) (**Figura 9E**). En las líneas parentales, cuatro de ellas mostraron estigma exerto, tres de ellas mostraron estigma al mismo nivel y solamente el parental “California Wonder” mostró estigma inserto, lo cual causa que la frecuencia de este último fenotipo en la población sea muy baja. La longitud de ejerción del estigma está asociada a la tasa de polinización cruzada natural en pimiento (Ritonga et al., 2018), por lo que se trata de un carácter que puede haber evolucionado durante la domesticación del cultivo, siendo líneas de mejora como “California Wonder” las que mostraron el estigma inserto y variedades más asilvestradas como “Ají dulce”, “Chile Serrano” y “Serrano Criollo de Morelos” las que mostraron el fenotipo exerto.





**Figura 9:** Gráficos circulares que muestran en porcentaje (%) la cantidad de líneas de la población MAGIC pertenecientes a las distintas clases de los descriptores para los caracteres de flor estudiados: número de flores por axila (A), posición de la flor (B), color de anteras (C), color de filamentos (D) y ejerción del estigma (E).

Los caracteres cualitativos de fruto estudiados fueron color de fruto inmaduro, manchas antocianínicas, forma del fruto, color fruto maduro, forma del ápice, margen del cáliz, persistencia del pedicelo y firmeza de la carne. El color de fruto inmaduro predominante fue el verde, apareciendo en un 56.8% de las líneas, seguido del verde oscuro y por último el verde claro, con representaciones del 27.4 y 15.8%, respectivamente (**Figura 10A**). Al igual que sucedía con los caracteres de hoja, alrededor del 50% de las líneas exhiben el fenotipo intermedio (verde) y los

otros dos fenotipos tienen representaciones inferiores, a pesar de que el color de hoja mayoritario en las líneas parentales fue el verde claro, apareciendo en cuatro de las ocho líneas.

La presencia de manchas antocianínicas en los frutos inmaduros fue muy escasa en la población, apareciendo únicamente en un 4.7% de las líneas (**Figura 10B**). Ninguna de las líneas parentales mostró estas manchas, indicando que los genes que determinan la aparición de manchas en el fruto se encuentran ocultos en relaciones epistáticas o de recesividad.

La forma de fruto predominante en la población fue la triangular, con una representación del 50% (**Figura 10C**). El resto de formas, ordenadas de mayor a menor representación en la población, fueron en bloque (28.1%), casi redonda (10.9%), elongada (9.9%) y acampanulada (1%). La población refleja la diversidad de formas que presentan las líneas parentales: “Ecu-994”, “Serrano Criollo” y “Piquillo” tienen forma triangular; “Bola” y “Ají dulce” tienen forma casi redonda, siendo la de este último muy achatada y con aspecto de disco; “Chile Serrano” y “Pasilla bajío” tienen forma elongada y “California Wonder” tiene forma de bloque. No obstante, ninguna de las líneas parentales presenta forma acampanulada, indicando la complejidad génica del carácter.

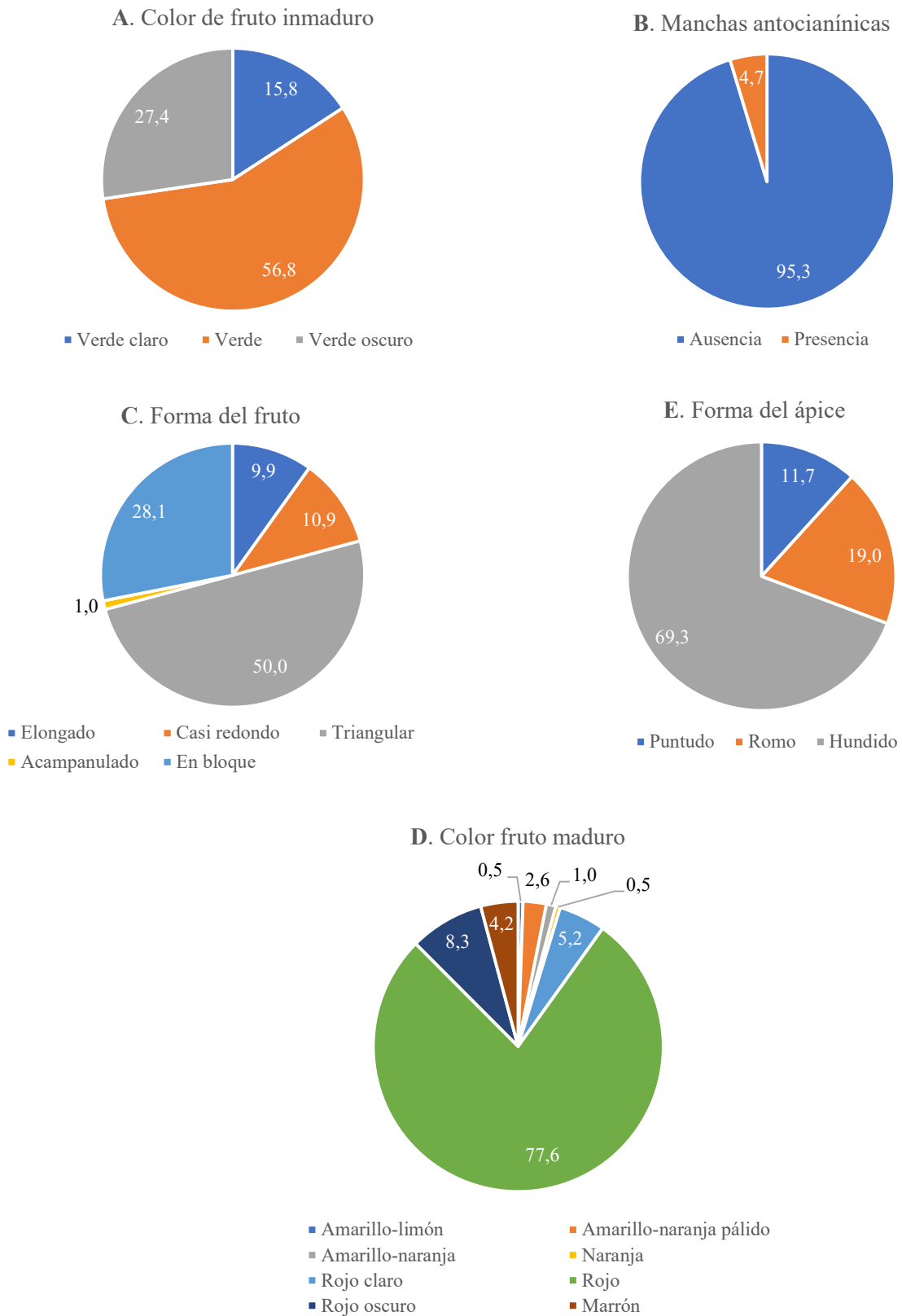
El color del fruto maduro es el carácter cualitativo que presentó mayor variabilidad en este trabajo. Si bien el color rojo es el más abundante en la población, estando presente en un 77.6% de las líneas, también se observaron líneas con frutos rojos oscuros (8.3%), rojos claros (5.2%), marrones (4.2%), así como una serie de colores que abarcan desde el amarillo limón hasta el naranja, que entre todos representaron únicamente el 4.6% de las líneas (**Figura 10D**). La presencia de colores poco habituales en la población, tales como el amarillo o el marrón, es posible gracias a las contribuciones del parental “California Wonder”, de color amarillo, y al parental “Pasilla bajío”, de color marrón. Para que se pueda dar la expresión de colores amarillos y naranjas pálidos, es necesario que el gen *Y/y*, que codifica la enzima Capsantina-Capsorubina Sintasa (CCS), se encuentre en homocigosis recesiva, y a su vez coincida con la presencia de alelos recesivos en homocigosis de los genes *Cl/cl*, regulador del desarrollo plastídico de las células de frutos, y *C2/c2*, que codifica para la enzima Fitoeno Sintasa (PSY) (Hurtado-Hernandez & Smith, 1985). Por su parte, el color marrón en los frutos de pimiento se debe a la presencia de la forma recesiva del gen *Cl/cl* (*chlorophyll retainer*) que evita la degradación de la clorofila durante el proceso de maduración fisiológica de los frutos que, al combinarse con los pigmentos rojos, da lugar a coloraciones marrones (Smith, 1950). Por tanto, colores de fruto amarillos, anaranjados y marrones constituyen fenotipos recesivos de combinaciones de genes, lo que explica que aparezcan en la población en frecuencias tan bajas.

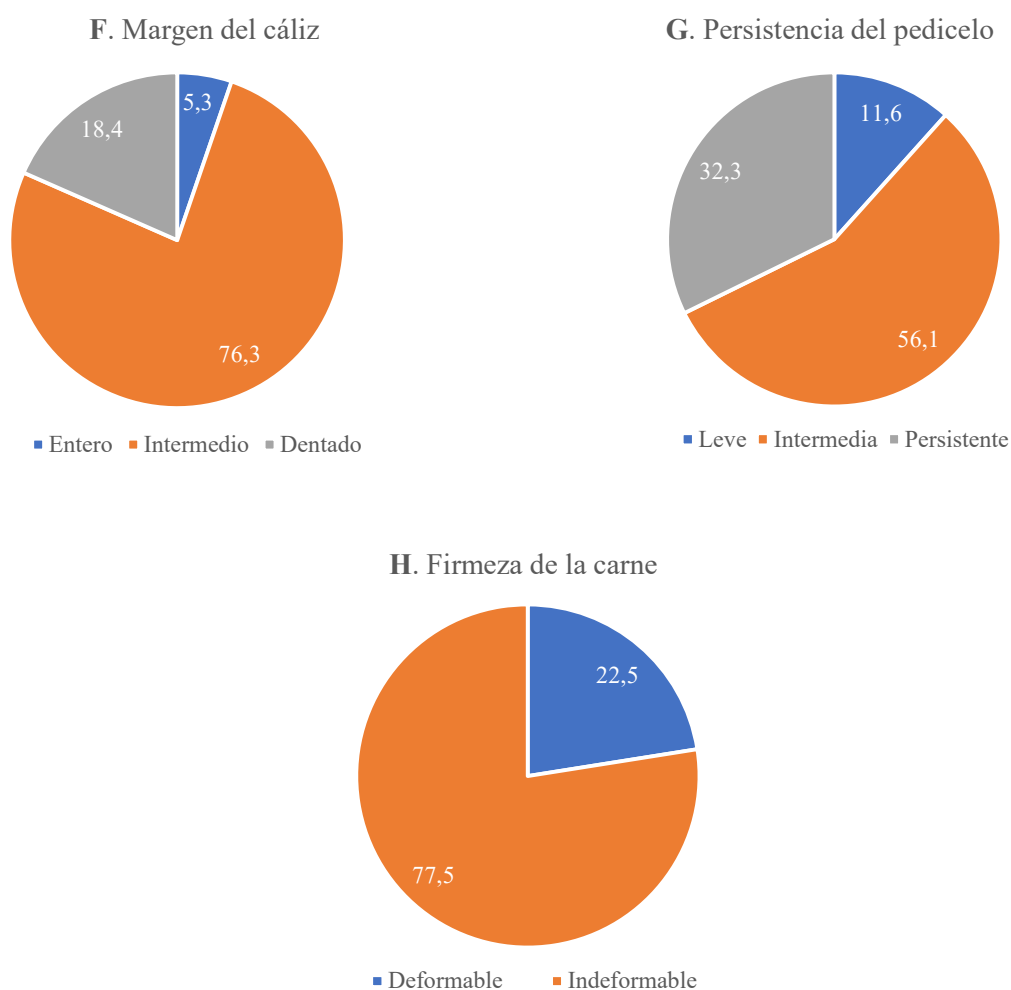
La forma del ápice de los frutos observada en mayor frecuencia en la población fue la hundida, presente en un 69.3% de las líneas (**Figura 10E**). Asimismo, las formas roma y puntuda alcanzaron una representación del 19% y 11.7%, respectivamente. De las ocho líneas parentales, cinco de ellas exhibieron forma hundida, dos forma roma y únicamente “Serrano Criollo de Morelos” presentó forma puntuda.

Para el margen del cáliz, el 76.3% de las líneas mostraron un fenotipo intermedio, el 18.4% exhibieron un margen dentado y el 5.3% presentaron un margen redondo (**Figura 10F**). De las ocho líneas parentales, cinco de ellas mostraron el fenotipo intermedio, dos de ellas mostraron margen dentado y solo “Ecu-994” mostró margen redondo.

Para la persistencia del pedicelo con el fruto se obtuvieron los siguientes resultados: el 56.1% de las líneas mostraron una persistencia intermedia, el 32.3% persistencia alta (persistente) y el 11.6% persistencia leve (**Figura 10G**). Sorprendentemente, entre las líneas parentales predominó la persistencia alta, con cinco de las ocho líneas, seguida de la persistencia intermedia, con tres de las ocho líneas. Ninguna de las líneas parentales mostró persistencia leve del pedicelo con el fruto.

Por último, se evaluó la firmeza de los frutos maduros. Un 77.5% de las líneas mostraron frutos firmes (indeformables), mientras que el 22.5% restante mostró frutos suaves (deformables) (**Figura 10H**). Adicionalmente, todas las líneas parentales exhibieron frutos firmes, por lo que las nuevas combinaciones genómicas originadas en la población posibilitan la aparición de líneas con frutos suaves, es decir, el carácter firmeza de carne se considera un carácter poligénico o complejo.





**Figura 10:** Gráficos circulares que muestran en porcentaje (%) la cantidad de líneas de la población MAGIC pertenecientes a las distintas clases de los descriptores para los caracteres de fruto estudiados: color de fruto inmaduro (A), mancha antocianínica (B), forma de fruto (C), forma de ápice (D), color de fruto maduro (E), margen del cáliz (F), persistencia del pedicelo (G) y firmeza de la carne (H).

En cuanto a los caracteres de fruto, la población S<sub>4</sub> mostró mayoritariamente valores concordantes con la distribución en los parentales, es decir, mayor porcentaje de líneas con valores que también se encontraban en más genotipos parentales como se puede observar para mancha antocianínica, forma del ápice o margen del cáliz. Sin embargo, algunos caracteres cualitativos de fruto mostraron fenotipos ausentes en las líneas parentales como forma del fruto, persistencia del pedicelo y firmeza de la carne, indicando que, pese a parecer caracteres sencillos, dependen de una compleja red de interacciones génicas para expresarse.

### 3.1.2 Caracteres cuantitativos

En este estudio se analizaron 11 caracteres cuantitativos, de los cuales uno fue un carácter de planta (longitud de tallo), siete fueron caracteres de fruto (longitud, anchura, peso, número de lóculos, L\*, A\* y B\*) y tres de polen (viabilidad morfológica, bioquímica y germinativa). Se calcularon los valores medios, desviaciones, coeficientes de variación y valores y máximos y mínimos de la población S<sub>4</sub> y la población formada por las líneas parentales (**Tabla 2**).

**Tabla 2:** Datos estadísticos obtenidos del análisis de los caracteres cuantitativos en toda la población MAGIC (Población) y la población formada por las líneas parentales (Parentales). Se incluyen valor promedio (Media), desviación estándar (DE), coeficiente de variación (CV) expresado en porcentaje, valores máximo (Max) y mínimo (Min) de cada carácter. Se marcan en color rojo aquellos valores máximos y mínimos de la población S<sub>4</sub> que son más acusados que los máximos y/o mínimos de la población de líneas parentales para un mismo carácter.

Carácter	Población					Parentales				
	Media	DE	CV (%)	Max	Min	Media	DE	CV (%)	Max	Min
Longitud tallo (mm)	370	179	48.44	1875	20	352	197	56.07	755	125
Longitud fruto (mm)	37	6	16.79	113	10	56	7	11.83	133	17
Ancho fruto (mm)	21	2	11.01	58	12	30	4	10.63	55	13
Peso fruto (g)	7.36	2.13	31.65	101.28	0.88	182	59	23.68	71.66	2.74
Nº lóculos	2.65	0.4	14.98	4.1	2	2.7	0.39	14.1	3.2	2
L*	37.39	2.32	6.28	66.09	25.33	37.2	1.95	5.38	60.31	25.56
A*	34.67	2.75	13.6	46.16	3.38	27.81	2.31	102.56	39.64	0.46
B*	21.87	3.7	16.66	70.45	3.61	22.48	2.57	14.26	58.95	2.91
Viabilidad morfológica polen	0.43	0.29	68.7	0.97	0	0.91	0.07	7.18	1	0.8
Viabilidad bioquímica polen	0.4	0.3	75.52	0.97	0	0.88	0.08	9.29	0.99	0.73
Viabilidad germinativa polen	0.08	0.13	167.17	0.52	0	0.49	0.23	47.22	0.8	0.01

La longitud de tallo media en la población fue de 370 mm, muy similar a la de las líneas parentales, que fue de 352 mm. Los coeficientes de variación para la población descendiente y parental fueron del 48.44 y 56.07%, respectivamente. Sin embargo, los valores máximo y mínimo de la población S<sub>4</sub> fueron de 1875 y 20 mm, respectivamente, superando ampliamente a los valores observados en las líneas parentales (755 y 125 mm), lo cual evidencia un fenómeno de herencia transgresiva, apareciendo dentro de una descendencia híbrida líneas con fenotipos más acusados que los parentales (Nirubana et al., 2021). El fenómeno de la herencia transgresiva ha sido ya observado en poblaciones MAGIC de otras especies tales como algodón (Thyssen et al., 2023), judía (Díaz et al., 2020) o caupí (Huynh et al., 2018).

La longitud de fruto media fue de 37 mm para la población MAGIC y de 56 mm para las líneas parentales. Los coeficientes de variación de la población y la formada por las líneas parentales fueron del 16.79 y 11.83%, respectivamente. El valor máximo de la población S<sub>4</sub> (113 mm) es inferior al valor máximo de la población de líneas parentales, (133 mm) de “Pasilla bajo”; así como el valor mínimo de la población S<sub>4</sub> (10 mm) también inferior al valor mínimo de las líneas parentales (13 mm). Teniendo en cuenta las medias y los valores máximos y mínimos obtenidos, se aprecia una disminución general de la longitud de los frutos en los descendientes respecto de las líneas parentales pero con una mayor variabilidad observada en los descendientes.

La anchura media de fruto fue de 21 mm para la población y de 30 mm para las líneas parentales. Esta diferencia entre las medias se debe en gran parte a la contribución de la línea parental “California Wonder”, que presentó una elevada anchura de fruto de 55 mm. Sin embargo, los coeficientes de variación para los descendientes y los parentales fueron del 11.01 y 10.63%, respectivamente, indicando que la población S<sub>4</sub> mostró mayor variabilidad para anchura de fruto,

como también se puede ver con los valores máximo y mínimo (58 y 12 mm, respectivamente) que superaron los obtenidos para las líneas parentales (55 y 13 mm, respectivamente).

La población MAGIC ofreció un peso de fruto medio de 7.36 g, mientras que en la población parental el peso de fruto medio fue considerablemente mayor (18.16 g). Esta diferencia es debida de nuevo a la contribución del parental “California Wonder”, cuyo peso de fruto fue de 71.66 g. Además, los parentales “Piquillo”, “Pasilla bajío” y “Bola” contribuyeron también a aumentar la media de la población parental con pesos de fruto de 25.64, 15.17 y 12.57 g, respectivamente. Los coeficientes de variación fueron notablemente mayores para la población S<sub>4</sub> comparado con la población parental (12.68%), como se puede observar también en los valores máximos y mínimo de las poblaciones: 101.28 g y 0.88 g en la población S<sub>4</sub> y 71.66 y 2.74 g en la población parental, por lo que este carácter mostró de nuevo un claro fenómeno de herencia transgresiva.

El número medio de lóculos en el fruto fue muy similar en los descendientes y en los parentales (2.65 y 2.7, respectivamente) así como los coeficientes de variación (14.98 y 14.1%) En cuanto a los valores mínimo y máximo, el número de lóculos mínimo en ambas poblaciones fue 2, mientras que en la población S<sub>4</sub> el valor máximo hallado para este carácter fue de 4.1, superando los 3.2 de la población parental. Un valor extremo de 4.1 lóculos en una de las líneas S<sub>4</sub> indica la existencia de frutos con cinco lóculos en la población, cuando entre las líneas parentales sólo se observaron algunos frutos con un máximo de cuatro lóculos en los parentales “California Wonder”, “Ecu-994” y “Bola”.

Los valores medios de la población MAGIC S<sub>4</sub> para los datos de color de fruto maduro cuantitativos medidos mediante colorímetro fueron de 37.39 para luminosidad (L\*), 34.67 para color verde-rojo (A\*) y 21.87 para color azul-amarillo (B\*). Por otra parte, los valores medios de la población parental fueron de 37.2 para L\*, 27.81 para A\* y 22.48 para B\*, indicando una luminosidad ligeramente más baja, y predominio de colores rojos menos intensos. Los valores máximos hallados en la población S<sub>4</sub> fueron de L\*= 66.09, A\*= 46.16 y B\*= 70.45, los cuales superan a los obtenidos en la población parental en luminosidad y color amarillo (L\*= 60.31, A\*= 39.64 y B\*= 58.95). Tanto en L\* como en B\* se observan valores máximos muy alejados de la media de la población MAGIC, debido a la existencia de líneas con frutos de colores minoritarios tales como amarillos o marrones.

Los caracteres cuantitativos de planta y fruto han evidenciado la existencia de fenómenos de herencia transgresiva en la población MAGIC S<sub>4</sub> como se puede apreciar viendo los valores máximos y mínimos de longitud de tallo, peso de fruto o valores cuantitativos de color de fruto. Aunque la media en los descendientes es similar a la media observada en los parentales, la mayor variabilidad de valores indica la existencia de reorganizaciones genómicas que han dado como resultado un nuevo conjunto de haplotipos que expresan valores fenotípicos más diversos.

En cuanto a los caracteres de polen, los valores medios de la población S<sub>4</sub> para la viabilidad morfológica y bioquímica fueron de 0.43 y 0.4 en tanto por 1, respectivamente. La escasa diferencia entre estos valores se debe fundamentalmente a la baja presencia general de granos de polen redondos sin teñir, es decir, que los granos de polen morfológicamente viables también fueron biológicamente viables. La viabilidad germinativa observada fue de 0.08 en tanto por 1 en la población MAGIC. Como era esperable, se trata de una media notablemente inferior a las de las viabilidades morfológica y bioquímica, debido a que se trata de una técnica de observación más fiable, indicando el número de granos que efectivamente, darían lugar a una polinización efectiva (Langedijk et al., 2023). Los valores medios de la población de líneas parentales para las viabilidades morfológica, bioquímica y germinativa fueron 0.91, 0.88 y 0.49 en tanto por 1, respectivamente, dos veces más altos que la población descendiente para las viabilidades morfológica y bioquímica y hasta seis veces más altos para la viabilidad germinativa. El valor máximo para la viabilidad germinativa es de un escaso 52% en la población S<sub>4</sub>, mientras que el



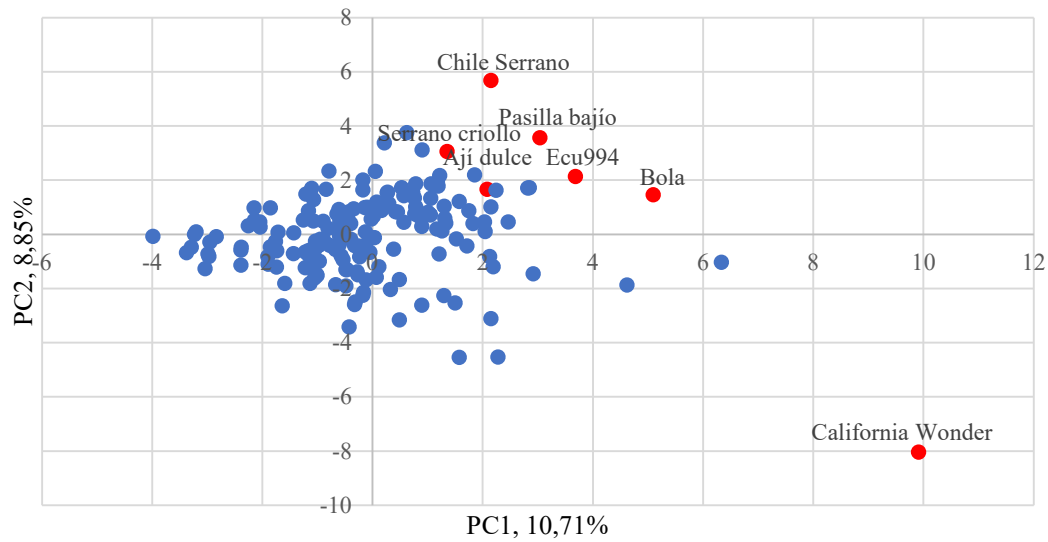
valor máximo de la población parental para este carácter alcanza en 80%. En cuanto a los valores mínimos, mientras la población parental ofrece valores mínimos de 0.8 en tanto por 1 para la viabilidad morfológica y de 0.73 para la viabilidad bioquímica, la viabilidad es nula en diversas líneas de la población S<sub>4</sub>. Únicamente la línea parental “California Wonder” presentó una escasa viabilidad germinativa del 1%, cercana a lo observado en las líneas de la población S<sub>4</sub> con peores datos de viabilidad. En vista de los resultados para la viabilidad del polen y teniendo en cuenta que el cultivo del pimiento se realizó a lo largo de verano, otoño e invierno de 2023-2024, se puede suponer que las líneas parentales están seleccionadas para producir polen en diversas condiciones de cultivo, y cada línea parental produjo polen en el momento idóneo, mientras que las líneas descendientes fueron más sensibles a cambios ambientales que redujeron significativamente su producción y viabilidad del polen respecto a otras generaciones de la MAGIC estudiadas anteriormente, con mayores valores de viabilidad. Además, se debe tener en cuenta que las interacciones genómicas derivadas de cruces interespecíficos pueden derivar en problemas de semi-esterilidad como se ha estudiado anteriormente en cruces de *C. annuum* con especies relacionadas (Martins et al., 2015; Manzur et al., 2015).

### **3.2 Análisis de componentes principales**

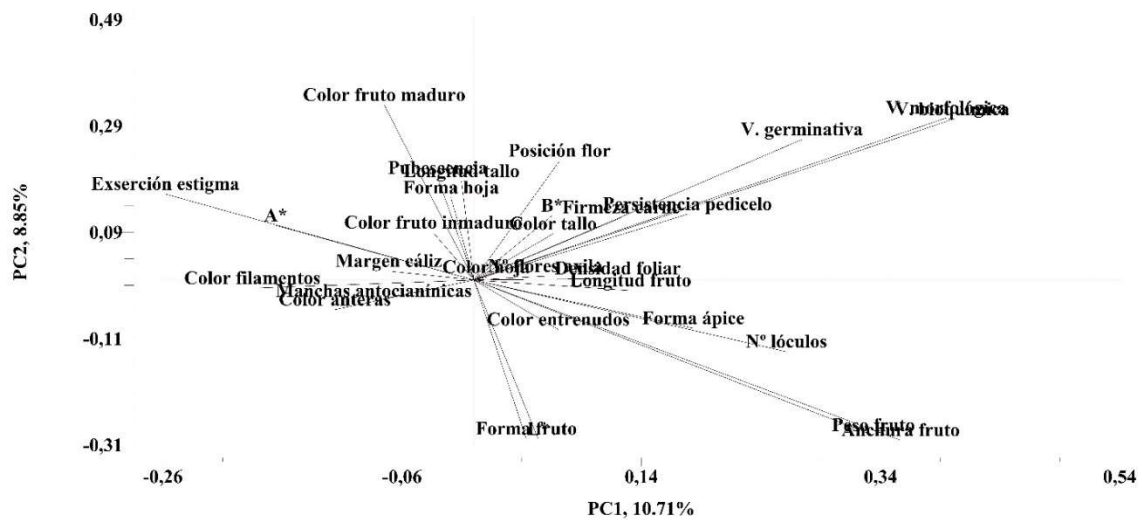
Se realizó un análisis de componentes principales (PCA) con 171 del total de las líneas S<sub>4</sub>, excluyéndose aquellas con datos de fenotipado incompletos, y siete de las ocho líneas parentales teniendo en cuenta 30 caracteres fenotípicos. La variación observada ha sido de 19,6%, con un 10.71% explicado por la PC1 y 8.85 explicado por la PC2. En general, todas las líneas S<sub>4</sub> se agruparon en torno al centro de la gráfica (PC1= 0, PC2= 0), sin apreciarse agrupaciones de líneas atribuibles a subestructuras poblacionales, lo cual es esperable en poblaciones MAGIC con gran recombinación génica y fenotípica de los ocho parentales (**Figura 11A**). Asimismo, las líneas parentales ocupan posiciones periféricas dentro del gráfico de dispersión, indicando que la población descendiente ha asimilado valores fenotípicos correspondientes a todas las líneas parentales.

En la **Figura 11B** se muestra el diagrama de pesos para los 30 caracteres estudiados en los dos componentes principales del análisis. Los caracteres con más peso en el primer componente fueron viabilidad bioquímica del polen, viabilidad morfológica del polen y anchura de fruto. Para el segundo componente, los caracteres de mayor peso fueron color de fruto maduro, viabilidad morfológica del polen y viabilidad bioquímica del polen. Curiosamente, las viabilidades morfológica y bioquímica del polen aparecen entre los caracteres con más peso en ambos componentes. Conocida la distribución del peso de cada carácter, se puede observar que los parentales, que poseen mayor viabilidad de polen, se encuentran en valores más positivos de PC1 y PC2, a excepción de “California Wonder”, que posee menor viabilidad de polen, el cual se encuentra en la parte positiva de PC1 y negativa de PC2. Además, “California Wonder” presenta un gran peso de fruto y color amarillo, distanciándose así del resto de parentales en la PCA. Sin embargo, se puede decir que la distribución de fenotipos parentales en la población MAGIC S<sub>4</sub> es equilibrada, dando lugar a una nube de genotipos descendientes distintos entre ellos.

A)



B)



**Figura 11:** Análisis de componentes principales de 171 individuos seleccionados de la generación S<sub>4</sub> de una población MAGIC de pimiento (azul) y sus líneas parentales (rojo). (A) Distribución de los dos componentes principales (PC1 y PC2). (B) Diagrama de pesos de los caracteres estudiados en las dos componentes principales.

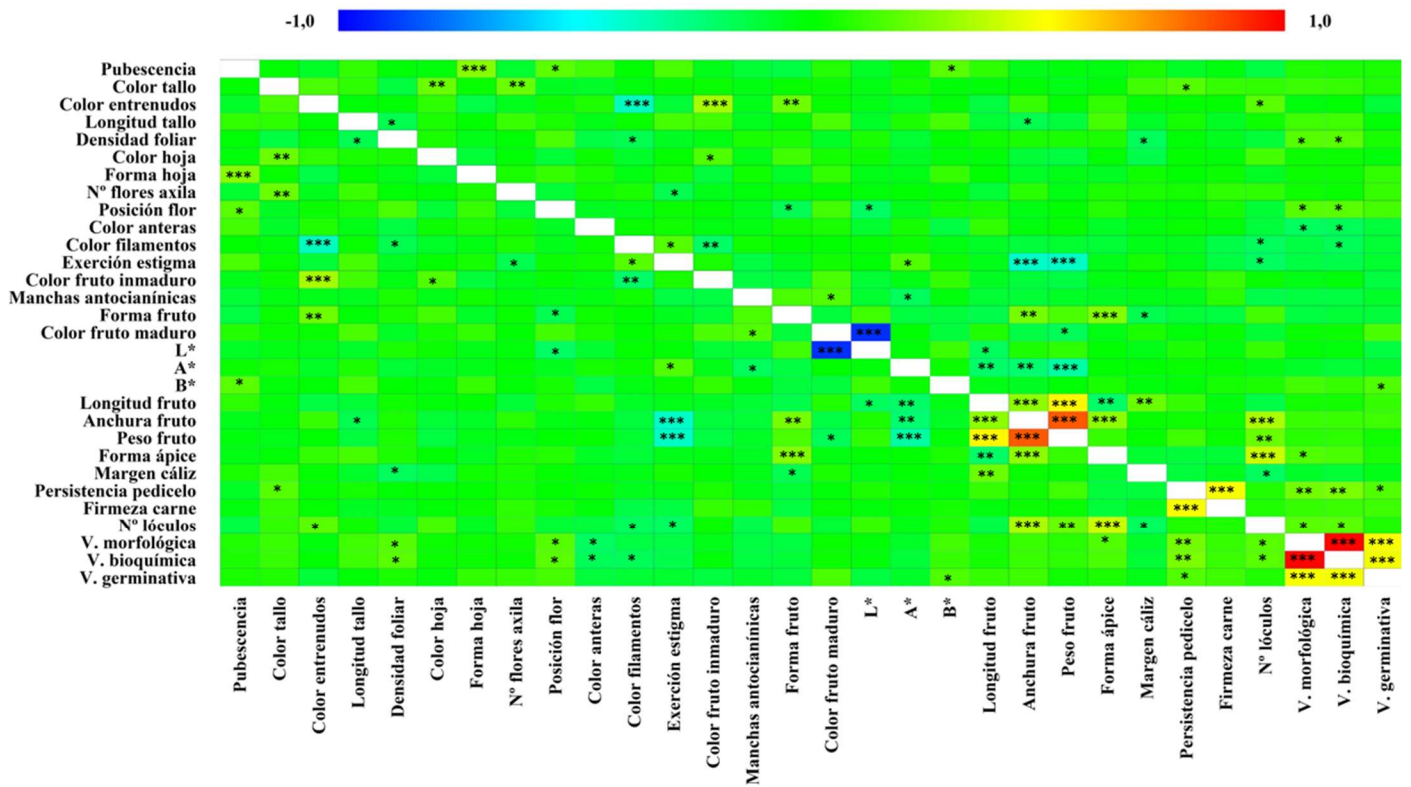
### 3.3 Estudio de las correlaciones entre caracteres

Se calcularon las correlaciones con coeficientes de Pearson para los 30 caracteres estudiados, cuyos resultados se reflejan en el gráfico de la **Figura 12**. Se encontraron 64 correlaciones estadísticamente significativas. Todos los caracteres mostraron al menos una correlación. Sin embargo, el carácter con más correlaciones fue número de lóculos, encontrándose correlaciones con nueve caracteres. Los caracteres con menos correlaciones encontradas fueron forma de hoja y firmeza de la carne, con tan solo una correlación hallada para cada uno con pubescencia de tallo y persistencia del pedicelo, respectivamente. Se encontraron 12 correlaciones para los caracteres

de planta, 8 para los caracteres de hoja, 21 para caracteres de flor, 59 para caracteres de fruto y 20 para caracteres de polen. La mayor parte de los caracteres estudiados son de fruto, por lo que es lógico que este sea el grupo de caracteres con un mayor número de correlaciones halladas. Sin embargo, es sorprendente el número de correlaciones halladas para caracteres de polen, con caracteres como densidad foliar, posición de flor, color de las anteras, color del filamento, B\*, forma del ápice, persistencia del pedicelo o número de lóculos, además de las correlaciones detectadas entre los propios caracteres de polen.

Destaca la correlación de la viabilidad morfológica con la viabilidad bioquímica del polen, con un valor de 0.99. Esta correlación positiva es esperable ya que la mayoría de líneas mostraron valores casi idénticos para ambos parámetros. También se encontró correlación positiva entre la viabilidad germinativa del polen tanto con la viabilidad morfológica como con la biológica, ambas con un valor de 0.48. Otra correlación destacable es la de anchura de fruto con peso de fruto, con un valor de 0.82. De nuevo, se trata de una correlación positiva esperable ya que los frutos más pesados suelen tener también una mayor anchura. Además, este resultado es consistente con lo observado en Silva et al. (2016), donde se halló una fuerte correlación positiva entre anchura y peso de fruto. También se detectó una correlación positiva significativa entre peso de fruto y longitud de fruto, no obstante, algo más baja (0.52). Otras correlaciones de fruto se encontraron entre el carácter cualitativo color de fruto maduro y L\*, con un valor de -0.9 debido a que cuanto más oscuro es el fruto, menor es el valor de luminosidad obtenido al emplear el colorímetro. Otra correlación positiva destacable fue la de persistencia del pedicelo con firmeza de la carne, con un valor de 0.48 indicando que frutos más blandos suelen tener pedicelos con menor persistencia. El número de lóculos mostró correlaciones positivas con anchura y peso de fruto, con valores de 0.34 y 0.21, respectivamente, lo que podría indicar una tendencia de los frutos más anchos y pesados a desarrollar un mayor número de lóculos. También se encontró correlación positiva entre el número de lóculos y la forma del ápice con un valor de 0.39, lo cual podría estar indicando de nuevo una tendencia de los frutos con forma del ápice hundida hacia desarrollar más lóculos. Existe también una correlación positiva de 0.23 entre anchura y forma de fruto, debido a que los frutos de forma tipo bloque tienden a ser más anchos. La forma del ápice del fruto mostró una correlación significativa con anchura y forma de fruto, con valores de 0.27 y 0.25, respectivamente, y a su vez una correlación negativa con longitud del fruto con valor de -0.2. Esto podría sugerir una tendencia de los frutos de forma más achatada de tipo bloque hacia presentar ápices de forma hundida. Por último, también se hallaron correlaciones significativas entre color azul-rojo y los caracteres de longitud, anchura y peso de fruto, con valores de -0.2, -0.22 y -0.32, respectivamente sugiriendo que los frutos con otras coloraciones diferentes a rojo presentaban mayor tamaño y peso de fruto.

Adicionalmente, se encontraron otras correlaciones entre caracteres de distintos grupos, tales como pubescencia de tallo con forma de hoja (0.26), color de fruto inmaduro con color de entrenudos y de filamentos (0.32 y 0.2, respectivamente), ejerción del estigma con anchura y peso de fruto (0.39 y 0.38, respectivamente) o persistencia del pedicelo con viabilidades morfológica y bioquímica del polen (0.23 y 0.24, respectivamente). Para poder ampliar este análisis, sería interesante incluir estudios de GWAS en futuros trabajos con la población MAGIC de pimiento, de manera que se puedan mapear los QTL responsables de estos caracteres en el genoma y así determinar si las correlaciones halladas están relacionadas con a la proximidad genética de los QTL o funciones asociadas. Este tipo de aproximación ha sido llevada a cabo en otros trabajos de pimiento, tales como el de Wu et al. (2019).



**Figura 12:** Gráfico de correlaciones con coeficientes de Pearson para los caracteres estudiados. Valores cercanos a 1 indican correlaciones positivas (color rojo) y valores cercanos a -1 indican correlaciones negativas (color azul). Se señalan las correlaciones significativas con  $p \leq 0.05$  (\*),  $p \leq 0.01$  (\*\*) y  $p \leq 0.001$  (\*\*\*)

## 4 CONCLUSIONES

Las principales conclusiones obtenidas en este trabajo fueron las siguientes:

1. La diversidad fenotípica existente en las líneas parentales se vio reflejada en la generación  $S_4$  de la población MAGIC, donde incluso se pueden encontrar nuevos fenotipos que no están presentes en ninguna línea parental debidos a nuevas reorganizaciones génicas.
2. El análisis de los caracteres cuantitativos ha evidenciado la existencia de herencia transgresiva en la población MAGIC, donde aparecen líneas  $S_4$  cuyos valores fenotípicos superan a los de las líneas parentales.
3. El análisis de componentes principales muestra una estructura poblacional variable en la generación  $S_4$  dentro de los rangos establecidos por las líneas parentales, con las líneas parentales situándose en las posiciones más periféricas de la misma indicando la integración de los caracteres parentales en la población de forma equilibrada.
4. Existe un gran número de correlaciones significativas entre los 30 caracteres estudiados, algunas de ellas entre caracteres de distintos grupos. Estudios con herramientas adicionales serán requeridos en el futuro para poder entender la naturaleza de estas correlaciones y su relación con la distribución e interacción de los genes responsables.

## 5 REFERENCIAS

- Andrews, J. (1995). Peppers: The Domesticates *Capsicum*. University of Texas Press, Austin, TX, USA
- Bae, Y., Lim, C. W., & Lee, S. C. (2021). Differential Functions of Pepper Stress-Associated Proteins in Response to Abiotic Stresses. *Frontiers in plant science*, 12, 756068. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.756068>
- Bandillo, N., Raghavan, C., Muyco, P.A. et al. (2013). Multi-parent advanced generation intercross (MAGIC) populations in rice: progress and potential for genetics research and breeding. *Rice* 6, 11. <https://doi.org/10.1186/1939-8433-6-11>
- Boswell, V. R. (1937). Improvement and genetics of tomatoes, peppers and eggplant. En: "USDA Year Book of Agriculture, Vol 1. Government Printing Office, Washington, USA. pp 176-206.
- Castronuovo, D.; Satriani, A.; Rivelli, A.R.; Comegna, A.; Belviso, C.; Coppola, A.; Di Prima, S.; Cavalcante, F.; Lovelli, S. (2023). Effects of Zeolite and Deficit Irrigation on Sweet Pepper Growth. *Horticulturae*, 9, 1230. <https://doi.org/10.3390/horticulturae9111230>
- Cavanagh, C., Morell, M., Mackay, I., & Powell, W. (2008). From mutations to MAGIC: resources for gene discovery, validation and delivery in crop plants. *Current opinion in plant biology*, 11(2), 215–221. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2008.01.002>
- Csilléry, G. (2006). Pepper taxonomy and the botanical description of the species. *Acta Agronomica Hungarica*, 54(2), 151-166. <https://doi.org/10.1556/AAgr.54.2006.2.5>
- Dell'Acqua, M., Gatti, D.M., Pea, G. et al. (2015). Genetic properties of the MAGIC maize population: a new platform for high definition QTL mapping in *Zea mays*. *Genome Biol* 16, 167. <https://doi.org/10.1186/s13059-015-0716-z>
- Devi, J. et al. (2021). Advances in Breeding Strategies of Bell Pepper (*Capsicum annuum* L. var. *grossum* Sendt.). In: Al-Khayri, J.M., Jain, S.M., Johnson, D.V. (eds) *Advances in Plant Breeding Strategies: Vegetable Crops*. Springer, Cham. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-66961-4\\_1](https://doi.org/10.1007/978-3-030-66961-4_1)
- DeWitt D., Bosland P. W. (1993). *The Pepper Garden*. Ten Speed Press. Berkeley, California, USA. pp 209.
- Diaz, S., Ariza-Suarez, D., Izquierdo, P. et al. (2020). Genetic mapping for agronomic traits in a MAGIC population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under drought conditions. *BMC Genomics* 21, 799 <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07213-6>
- FAOSTAT (2022); <https://www.fao.org/faostat/es/#home>
- Fornaris, G. (2005). Características de la planta. En: "Conjunto tecnológico para la producción de pimientos tipo *cubanelle* y *campana*". Editorial de la Universidad de Puerto Rico
- Gardin Agritech, Bayer Crop Sciences. (2024). Improving water use efficiency in pepper cultivation. *Hortidaily*. <https://www.hortidaily.com/article/9622289/improving-water-use-efficiency-in-pepper-cultivation/>
- Hosseinfard, M.; Stefaniak, S.; Ghorbani Javid, M.; Soltani, E.; Wojtyla, Ł.; Garnczarska, M. (2022). Contribution of Exogenous Proline to Abiotic Stresses Tolerance in Plants: A Review. *Int. J. Mol. Sci.*, 23, 5186. <https://doi.org/10.3390/ijms23095186>

- Huang, B. E., George, A. W., Forrest, K. L., Kilian, A., Hayden, M. J., Morell, M. K., & Cavanagh, C. R. (2012). A multiparent advanced generation inter-cross population for genetic analysis in wheat. *Plant biotechnology journal*, 10(7), 826–839. <https://doi.org/10.1111/j.1467-7652.2012.00702.x>
- Hurtado-Hernandez, H.; Smith, P. (1985); Inheritance of mature fruit color in *Capsicum annuum* L., *Journal of Heredity*, Volume 76, Issue 3, Pages 211–213
- Huynh, B. L., Ehlers, J. D., Huang, B. E., Muñoz-Amatriaín, M., Lonardi, S., Santos, J. R. P., Ndeve, A., Batiemo, B. J., Boukar, O., Cissé, N., Drabo, I., Fatokun, C., Kusi, F., Agyare, R. Y., Guo, Y. N., Herniter, I., Lo, S., Wanamaker, S. I., Xu, S., Close, T. J., Roberts, P. A. (2018). A multi-parent advanced generation inter-cross (MAGIC) population for genetic analysis and improvement of cowpea (*Vigna unguiculata* L.Walp.). *The Plant Journal*. 93 (6): 1129-1142. DOI: 10.1111/tpj.13827
- IPGRI, AVRDC, CATIE (1995). *Descriptors for Capsicum (Capsicum spp.)*. International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy; Asian Vegetable Research and Development Center, Taipei, Taiwan; Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, Turrialba, Costa Rica. ISBN: 92-9043-216-0
- Kim, S., Park, M., Yeom, S. I., Kim, Y. M., Lee, J. M., Lee, H. A., Seo, E., Choi, J., Cheong, K., Kim, K. T., Jung, K., Lee, G. W., Oh, S. K., Bae, C., Kim, S. B., Lee, H. Y., Kim, S. Y., Kim, M. S., Kang, B. C., Jo, Y. D., ... Choi, D. (2014). Genome sequence of the hot pepper provides insights into the evolution of pungency in *Capsicum* species. *Nature genetics*, 46(3), 270–278. <https://doi.org/10.1038/ng.2877>
- Langedijk, N.S.M., Kaufmann, S., Vos, E. et al. (2023). Evaluation of methods to assess the quality of cryopreserved Solanaceae pollen. *Sci Rep* 13, 7344. <https://doi.org/10.1038/s41598-023-34158-z>
- Liu, W. Y., Kang, W. H., Kang, B. C., Kang, B. C., & Kole, C. (2013). Basic Information on Pepper. *Genetics, Genomics and Breeding of Peppers and Eggplants*, 1.
- Lozada, D. N., Bosland, P. W., Barchenger, D. W., Haghshenas-Jaryani, M., Sanogo, S., & Walker, S. (2022). Chile Pepper (*Capsicum*) Breeding and Improvement in the "Multi-Omics" Era. *Frontiers in plant science*, 13, 879182. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.879182>
- Mackay, I. J., Bansept-Basler, P., Barber, T., Bentley, A. R., Cockram, J., Gosman, N., Greenland, A. J., Horsnell, R., Howells, R., O'Sullivan, D. M., Rose, G. A., & Howell, P. J. (2014). An eight-parent multiparent advanced generation inter-cross population for winter-sown wheat: creation, properties, and validation. *G3 (Bethesda, Md.)*, 4(9), 1603–1610. <https://doi.org/10.1534/g3.114.012963>
- Manzur, J.P., Fita, A., Prohens, J., Rodríguez-Burruezo, A. (2015). Successful Wide Hybridization and Introgression Breeding in a Diverse Set of Common Peppers (*Capsicum annuum*) Using Different Cultivated Ají (*C. baccatum*) Accessions as Donor Parents. *PLOS ONE* 10(12): e0144142. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0144142>
- Martins, K. C., Pereira, T. N. S., Souza, S. A. M., Rodrigues, R., & Amaral Junior, A. T. do .. (2015). Crossability and evaluation of incompatibility barriers in crosses between *Capsicum* species. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 15(3), 139–145. <https://doi.org/10.1590/1984-70332015v15n3a25>

- McLeod, M.J., Guttman, S.I. & Eshbaugh, W.H. (1982). Early evolution of chili peppers (*Capsicum*). *Econ Bot* 36, 361–368 . <https://doi.org/10.1007/BF02862689>
- Nirubana, V. and Palaniyappan, S. and P, Ramamoorthy and Karthikeyan, M. and Deepika, C., (2021), Transgressive Segregation and Its Importance in Crop Improvement. Available at SSRN: <https://ssrn.com/abstract=3763629>
- Parisi, M.; Alioto, D.; Tripodi, P. (2020). Overview of Biotic Stresses in Pepper (*Capsicum* spp.): Sources of Genetic Resistance, Molecular Breeding and Genomics. *Int. J. Mol. Sci.*, 21, 2587. <https://doi.org/10.3390/ijms21072587>
- Qin, C., Yu, C., Shen, Y., Fang, X., Chen, L., Min, J., Cheng, J., Zhao, S., Xu, M., Luo, Y., Yang, Y., Wu, Z., Mao, L., Wu, H., Ling-Hu, C., Zhou, H., Lin, H., González-Morales, S., Trejo-Saavedra, D. L., Tian, H., ... Zhang, Z. (2014). Whole-genome sequencing of cultivated and wild peppers provides insights into *Capsicum* domestication and specialization. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 111(14), 5135–5140. <https://doi.org/10.1073/pnas.1400975111>
- Ritonga, A. W., Syukur, M., Yuniarti, R., Sobir (2018). Assessment of natural cross-pollination levels in chili pepper (*Capsicum annum* L.). *IOP Conference Series Earth and Environmental Science*. **196** (1): 012008. DOI: 10.1088/1755-1315/196/1/012008
- Silva, A. R. da ., Rêgo, E. R. do ., Pessoa, A. M. dos S., & Rêgo, M. M. do. (2016). Correlation network analysis between phenotypic and genotypic traits of chili pepper. *Pesquisa Agropecuária Brasileira*, 51(4), 372–377. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2016000400010>
- Smith, P. (1950); Inheritance Of Brown And Green Mature Fruit Color In Peppers, *Journal of Heredity*, Volume 41, Issue 5, Pages 138–140
- Srivastava, A., Mangal, M. (2019). *Capsicum* Breeding: History and Development. En: Ramchiary, N., Kole, C. (eds) *The Capsicum Genome*. *Compendium of Plant Genomes*. Springer, Cham. [https://doi.org/10.1007/978-3-319-97217-6\\_3](https://doi.org/10.1007/978-3-319-97217-6_3)
- Thyssen GN, Condon BD, Hinchliffe DJ, Zeng L, Naoumkina M, Jenkins JN, et al. (2023). Flame resistant cotton lines generated by synergistic epistasis in a MAGIC population. *PLoS ONE* 18(1): e0278696. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0278696>
- Wu, L.; Wang, P.; Wang, Y.; Cheng, Q.; Lu, Q.; Liu, J.; Li, T.; Ai, Y.; Yang, W.; Sun, L.; et al. (2019). Genome-Wide Correlation of 36 Agronomic Traits in the 287 Pepper (*Capsicum*) Accessions Obtained from the SLAF-seq-Based GWAS. *Int. J. Mol. Sci.*, 20, 5675. <https://doi.org/10.3390/ijms20225675>
- Yao, S.; Li, X.; Cheng, H.; Sun, K.; Jiang, X.; Song, Y. (2020). Insights into the Fungal Community and Functional Roles of Pepper Rhizosphere Soil under Plastic Shed Cultivation. *Diversity*, 12, 432. <https://doi.org/10.3390/d12110432>
- Zou Z, Zou X. (2021). Geographical and ecological differences in Pepper Cultivation and Consumption in China. *Front Nutr*; 8:718517. <https://doi.org/10.3389/fnut.2021.718517>.



# ANEXO: OBJETIVOS DE DESARROLLO SOSTENIBLE

El 25 de septiembre de 2015, la Asamblea General de Naciones Unidas aprobó la Agenda 2030, un plan a favor de las personas, el planeta, la prosperidad y la paz universal. La Agenda 2030 cuenta con 17 Objetivos de Desarrollo Sostenible (ODS):

1. Fin de la pobreza
2. Hambre cero
3. Salud y bienestar
4. Educación de calidad
5. Igualdad de género
6. Agua limpia y saneamiento
7. Energía asequible y no contaminante
8. Trabajo decente y crecimiento económico
9. Industria, innovación e infraestructura
10. Reducción de las desigualdades
11. Ciudades y comunidades sostenibles
12. Producción y consumo responsables
13. Acción por el clima
14. Vida submarina
15. Vida de ecosistemas terrestres
16. Paz, justicia e instituciones sólidas
17. Alianzas para lograr los objetivos

Este trabajo, titulado *Caracterización fenotípica de la cuarta generación de autofecundación (S<sub>4</sub>) de una población MAGIC en pimiento (Capsicum spp.)*, puede alinearse con los ODS n° 2 y 12.

En primer lugar, este trabajo está en línea con el Objetivo 2 (Hambre cero), ya que poblaciones segregantes como las MAGIC son la base de diversos planes de mejora vegetal, cuyo objetivo principal es el aumento del rendimiento de los cultivos, lo cual es vital para acabar con el hambre mundial.

Por otra parte, este trabajo también puede alinearse con el Objetivo 12 (Producción y consumo responsables). Estudios a raíz de poblaciones diversas como la de este proyecto dan lugar a la mejora y selección de nuevas variedades con menores requerimientos de agua e insumos, aumentando así la sostenibilidad de la producción agrícola.