

Caracterización de la diversidad genética de uchuva (*physalis peruviana* L.) En Boyacá

Characterization of genetic diversity uchuva (*physalis peruviana* L.) In Boyacá

Caracterização da diversidade genética uchuva (*physalis peruviana* L.) Boyacá

ANA CRUZ MORILLO-CORONADO¹, JOSE ALEJANDRO GONZÁLEZ-CASTILLO²,
YACENIA MORILLO-CORONADO³

RESUMEN

La uchuva, *Physalis peruviana* L. es un frutal tropical nativo de la región Andina, que presenta metabolitos primarios y secundarios que le confiere propiedades antioxidantes, anti-inflamatorias y anticancerígenas. Actualmente es el segundo frutal de exportación en Colombia, siendo Boyacá uno de los departamentos que más contribuye a la producción nacional. Por lo cual el objetivo de esta investigación fue caracterizar la diversidad genética de la uchuva en el departamento de Boyacá. Se realizó una colecta de 15 materiales silvestres de *P. peruviana* en los municipios de Paipa, Combita, Tuta, Sotaquirá, Santa Rosa de Viterbo y Tunja y fueron caracterizados con siete marcadores microsatélites RAMs. El análisis mediante el coeficiente de Nei-Li a un nivel de similitud de 0,65 diferenció a la población en tres grupos de acuerdo al

Recibido para evaluación: 24 de Mayo de 2016.

Aprobado para publicación: 11 de Abril de 2018.

- 1 Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Grupo de investigación CIDE. PhD. Fitomejoramiento. Tunja, Colombia.
- 2 Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Grupo de investigación CIDE. Estudiante de Ingeniería Agronómica. Tunja, Colombia.
- 3 Universidad de los Llanos, Grupo de investigación Biotecnología y Mejoramiento Vegetal. PhD. Fitomejoramiento. Villavicencio, Colombia.

Correspondencia: ana.morillo@uptc.edu.co

sitio de procedencia de los materiales. El valor de heterocigosidad promedio fue de 0,27 el cual se considera bajo en comparación con otros estudios de diversidad genética. El Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) y el *Fst* muestran la existencia de variabilidad genética a nivel intraespecífico la cual debe ser conservada y aprovechada en el mejoramiento genético que permita la obtención de materiales adaptados, con características agronómicas, nutricionales y medicinales de alta calidad.

ABSTRACT

Cape gooseberry, *Physalis peruviana* L. is a tropical fruit tree native to the Andean region, presenting primary and secondary metabolites that confer antioxidant, anti-inflammatory and anticancer properties. It is currently the second export fruit in Colombia, with Boyacá being one of the departments that contributes most to national production. Therefore, the objective of this research was to characterize the genetic diversity of Cape gooseberry in the Department of Boyacá. A collection of 15 wild materials from *P. Peruviana* was carried out in the municipalities of Paipa, Combita, Tuta, Sotaquirá, Santa Rosa de Viterbo and Tunja and were characterized with seven RAMs microsatellite markers. The analysis by the Nei-Li coefficient at a similarity level of 0,65 differentiated the population in three groups according to the site of origin of the materials. The average Heterocigosidad value was 0,27, which is considered low compared to other genetic diversity studies. The analysis of Molecular variance (AMOVA) and the *Fst* show the existence of genetic variability at the intraspecific level which should be retained and used in the genetic improvement that allows the obtaining of adapted materials, with characteristics agronomic, nutritional and medicinal of high quality.

RESUMO

Cabo *Physalis peruviana* L. groselha é uma fruta tropical nativa da região andina, que tem metabólitos primários e secundários que lhes atribua anti-inflamatório e anti-câncer antioxidante propriedades. É atualmente a segunda exportação de frutas na Colômbia, Boyacá sendo um dos departamentos que mais contribuem para a produção nacional. Portanto, o objetivo deste trabalho foi caracterizar a diversidade genética do uchuva no departamento de Boyacá. Uma coleção de 15 materiais *P. peruviana* selvagens nos municípios de Paipa, Combita, Tuta, Sotaquirá, Santa Rosa de Viterbo e Tunja foi feito e foram caracterizados com sete marcadores microsatélites RAMs. A análise pelo coeficiente de Nei-Li em um nível de similaridade de 0,65 distinguiu a população em três grupos de acordo com o local de origem dos materiais. O valor de heterozigosidade média foi de 0,27, o que é considerado baixo em comparação com outros estudos de diversidade genética. Análise de Variância Molecular (AMOVA) e *Fst* mostram a existência de variabilidade genética no nível intra-específica que deve ser preservado e explorado no melhoramento genético que permite a coleta de materiais adaptados, agronômicas, propriedades nutricionais e medicinais de alta qualidade.

PALABRAS CLAVES:

Variabilidad, Microsatélites RAMs, Frutal andino.

KEYWORDS:

Variability, Microsatellites RAMs, Andean Fruit.

PALAVRAS-CHAVE:

Variabilidade, Microsatélites RAMs, Frutas andina.

INTRODUCCIÓN

Physalis peruviana, conocida como uchuva o baya dorada, es un frutal tropical exótico de la familia Solanaceae, nativa de la región Andina, principalmente Colombia, Perú y Ecuador. Su fruto presenta alto niveles de vitaminas (A, B y C) y minerales (hierro y fósforo) y ácidos grasos polinsaturados que le confieren propiedades antioxidantes, anti-inflamatorias y anticancerígenas [1,2]. Actualmente es el segundo frutal de exportación de Colombia, con alta demanda en los mercados Europeos, debido a su atractivo sabor, color y forma como por su potencial medicinal. Para el año 2014 fueron cultivadas un total de 932 ha con una producción de 13.260 ton y un rendimiento de 9,81 t/ha, concentrada en los departamentos de Boyacá (58%), Antioquia 817%) y Cundinamarca (15%) [3]. A pesar de su importancia económica sigue siendo un cultivo semidomesticado y no se conocen cultivares resistentes ni variedades mejoradas en Colombia [4].

Estudios de colecta, conservación y caracterización son necesarios para el planteamiento de estrategias de mejoramiento genético de esta especie, en este sentido, el país cuenta con colecciones de germoplasma cultivado y silvestre procedente de los principales municipios productores manejado por centros de investigación y universidades [4], las cuales han sido evaluadas por características biológicas, morfológicas, agronómicas, moleculares y de resistencia al principal problema fitosanitario que actualmente enfrentan los agricultores en Colombia, *Fusarium oxysporum* [4,5,6,7,8,9]. Se ha avanzado en el conocimiento de la variabilidad y de taxones relacionados usando tecnologías de secuenciación de última generación a partir de los cuales se han desarrollado diferentes marcadores moleculares [5,7]. Estudios de caracterización de la diversidad y estructura genética de poblaciones de *Physalis* han desarrollado por Enciso *et al.* (2013) [6], quienes detectaron SNPs asociados a la resistencia a *F. oxysporum*; Osorio (2016) [8], usando marcadores SNPs concluyeron que la estructura genética de 100 accesiones de uchuva estaba asociada principalmente con estado del cultivo (silvestre o cultivado) y no por el sitio geográfico de donde proceden los materiales, resultados similares fueron obtenidos por Garzón *et al.* (2015) [9], quienes evaluaron 47 accesiones de *P. peruviana* con 642 SNP y 24 loci InDels (Inserción o Delección).

Entre los marcadores moleculares más utilizados para evaluar la diversidad genética en plantas están los

microsatélites o SSR (Secuencias Simples Repetidas) que son altamente polimórficos y de herencia codominante [10]. En uchuva, Martínez *et al.* (2015) [5] caracterizaron 222 individuos de Corpoica usando marcadores COSII, IRGs y SNPs, en donde se estableció la estructura y la diversidad genética de estos materiales. A partir de estas secuencias, se han desarrollado marcadores SSR en regiones codificantes y no codificantes tanto en *P. peruviana* como *P. floridana* Rydb [11]. Chacón *et al.* (2016) [4], estudiaron la estructura genética de 85 accesiones cultivadas y no cultivadas de uchuva procedentes de las cordilleras central, occidental y Oriental usando 15 loci SSRs, encontrando una baja diversidad genética y que las cordilleras Andinas juegan un papel importante en la estructuración genética de la uchuva Colombiana más que el estado biológico (silvestre o cultivado).

Los marcadores Microsatélites Amplificados al Azar (RAMs) también conocidos como ISSR (Intersimple Sequence Repeat) son útiles para medir la diversidad genética en plantas, animales y microorganismos y en identificar las diferencias existentes entre familias, especies y al interior de las especies, su metodología es factible para pequeños laboratorios y en estudios de exploratorios de la diversidad genética; además han sido utilizados en la caracterización de la diversidad genética en especies de frutales andinos permitiendo la discriminación de los materiales evaluados [12, 13].

Teniendo en cuenta que la uchuva es considerada un frutal promisorio para Colombia y que Boyacá es uno de los departamentos pioneros en la producción nacional, se plantea el presente trabajo de investigación que tiene como objetivo caracterizar la variabilidad genética de los materiales de *P. peruviana* en los principales municipios productores de Boyacá como una primera aproximación hacia el conocimiento del germoplasma y el planteamiento de estrategias de conservación y mejoramiento genético de esta especie en la región.

MÉTODO

Material vegetal

Se colectaron hojas jóvenes de 15 materiales de uchuva con características rústicas que se encontraban en huertos caseros, bordes de carretera o de cultivos comerciales en los municipios de Paipa (3), Sotaquirá (1), Combita(2), Tuta (2), Santa Rosa (3) de Viterbo y Tunja(4) (Cuadro 1).

Caracterización molecular

La caracterización molecular se hizo en los laboratorios de investigación en Biología Molecular, BIOPLASMA y GEBIMOL, de la Universidad Pedagógica de Colombia, Tunja. Para la extracción de ADN se utilizó el protocolo de Dellaporta *et al.* (1983) [14]. Los ADN totales se visualizaron en geles de agarosa al 0,8%, en una cámara Maxicell Primo EC-340 Electroforesis Gel System. Para determinar la concentración de ADN se utilizó el fluorómetro Hoefer Dyna Quant 200 y se diluyó en agua tipo HPLC a un volumen total de 100 µL a 10 ng/µL y se almacenó a -20°C. Para el análisis RAMs se utilizaron siete cebadores sintetizados por Technologies Inc. Bioneer (Cuadro 2). Para la reacción de amplificación con RAMs se preparó el cóctel en un tubo estéril de microcentrifuga (1,5 mL) para un volumen final de 25 µL. La mezcla de reacción se preparó con buffer 1X, MgCl₂ 1;5 mM, dNTPs 0,2 mM, Taq Polimerasa 1U, cebador 2 µM y ADN genómico 10 ng.

La amplificación se llevó a cabo en un termociclador PTC 100 Programmable Thermal Controller (MJ. Research, Inc), en el laboratorio de molecular. La desnaturalización inicial fue a 95°C durante 5 min; des-

naturalización a 95°C por 30 seg, hibridación a una temperatura de 50°C (cebador AG y CA), 55°C (cebador CCA-TG-CT) y 58°C (cebador CGA) durante 45 seg, una extensión de 72°C por 2 min, 37 ciclos desde la desnaturalización a extensión y por último una extensión a 72°C durante 7 min. Los productos amplificados fueron separados por electroforesis en geles de poliacrilamida 37:1 (acrilamida: bisacrilamida) al 7% a 150 v por 1 h en una cámara pequeña de DNA Sequencing System, FB-SEQ-3545 de Fisher Biotechnologies. La tinción se realizó usando sales de plata.

Análisis Estadístico

Se generó una matriz binaria de ausencia (cero) y presencia (uno). La similitud genética entre los individuos se calculó utilizando el coeficiente de similitud de Nei y Li (1979) [15]. El análisis de agrupamiento se realizó por el método UPGMA y se generó un dendrograma utilizando el paquete estadístico NTSYS (Numerical Taxonomy System for personal Computer, versión 2.02 PC). Para evaluar la diversidad genética se estimó la heterocigosidad insesgada y el porcentaje de loci polimórficos utilizando el paquete estadístico TFGA (Tools For Population Genetic Analices, versión 1.3, 1997). Se determinó el f estadístico insesgado con un intervalo de confianza del 95 % y se realizó el Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) con el programa GEnALex 6.5.

Cuadro 1. Sitios de colecta de los materiales de uchuva (*P. peruviana* L.).

Procedencia	Altura	Latitud Norte	Longitud Oeste	Temperatura promedio (°C)
Paipa	2,525	5°46'48"	73°07'03"	13
Tuta	2,574	5°41'36"	73°13'51"	14
Sotaquirá	2,860	5°45'54"	73°14'53"	14
Combita	2,825	5°38'02"	73°19'23"	13
Santa Rosa	2,753	5°52'29"	72°58'54"	14
Tunja	2,820	5°52'29"	73°19'23"	13

Cuadro 2. Cebadores utilizados en la técnica Microsatélites RAMs.

Cebadores	Secuencia (5' a 3')
CCA	DDB(CCA) ₅
CGA	DHB(CGGA) ₅
ACA	BDB(ACA) ₅
AG	HBH(AG) ₇ ^a
CT	DYD(CT) ₇ ^c
TG	HVH(TG) ₇ ^T
CA	DBDA(CA) ₇

Las siguientes designaciones se usan para los sitios degenerados: H (A ó T ó C); B (G ó T ó C); V (G ó A ó C) y D (G ó A ó T).

RESULTADOS

El análisis mediante el coeficiente de Nei-Li a una similitud de 0,65 diferenció a la población en tres grandes grupos (Figura 1). El grupo I formado a una similitud genética de 0,70 está conformado por materiales de uchuva procedentes de los municipios de Paipa, Tunja y Combita. Se puede observar que los materiales de Paipa tiene una mayor homogeneidad (0,85) y se presenta una distribución más laxa de los materiales de Tunja y Combita; hay que considerar que estos sitios se encuentran a menos de 100 km de distancia por lo cual el flujo genético y el intercambio de material de siembra pueden ocurrir con mayor frecuencia.

En el grupo II se encuentran a un nivel de similitud de 0,70 los materiales de Santa Rosa y Combita, los cuales comparten algunas características morfológicas y agronómicas interesantes (González, 2016 datos sin

publicar). Una vez se evidencia el flujo de material que existe entre las diferentes zonas productoras del departamento. A un nivel de similitud de 0,63 se encuentran los materiales procedentes de Santa Rosa de Viterbo (Grupo III) en donde se encuentra el material genético más diverso de todos los evaluados en este estudio el cual debe ser evaluado por sus características morfológicas, agronómicas, nutricionales. Chacón *et al.* (2016) [4] estudiaron la estructura genética de germoplasma de uchuva colombiano encontraron un valor promedio fue de 0,13, lo cual puede ser debido a la naturaleza de los materiales evaluados y el agrupamiento determinado por las presiones de selección existentes en las cordilleras.

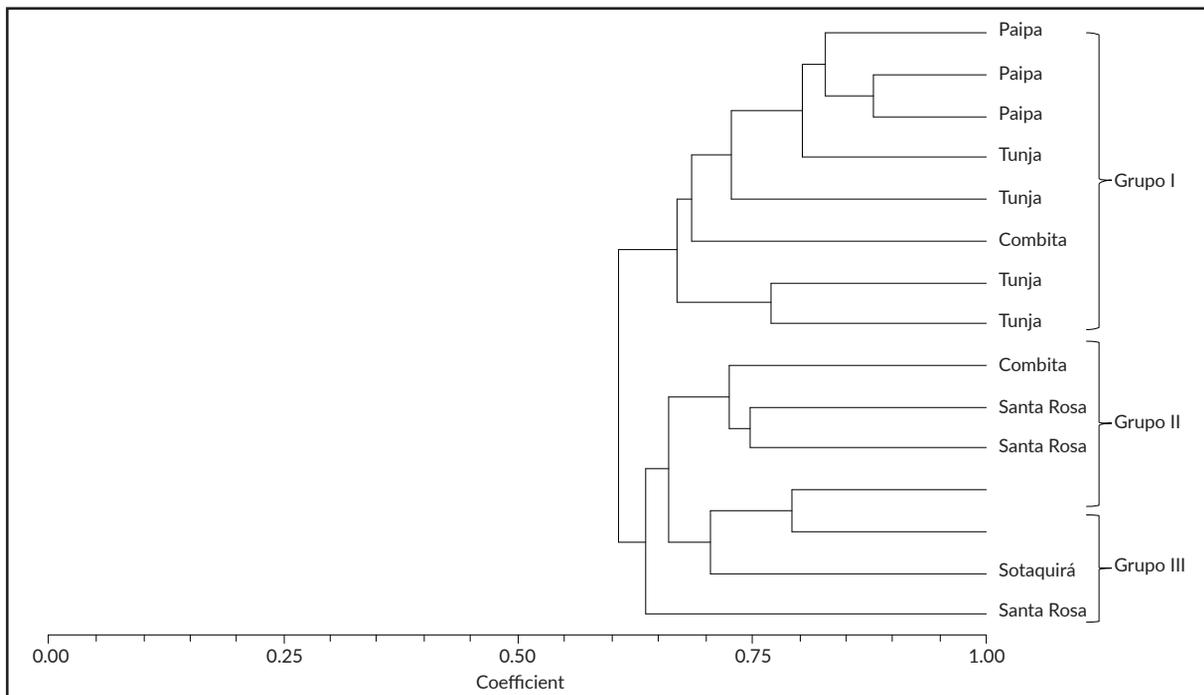
En general, los agrupamientos en este estudio se presentaron de acuerdo al origen geográfico de donde proceden los materiales y no por su estado biológico como había sido reportado por Garzón *et al.* (2015) [9] y Osorio (2016) [8], quienes no encontraron ninguna relación entre la estructura genética y la geografía pero si con el estado biológico. Osorio (2016) [8], encontró tres grupos de accesiones, un grupo formado principalmente por accesiones silvestres, otro grupo con accesiones cultivadas de fincas tradicionales y un tercer grupo con

accesiones cultivadas en campos comerciales, siendo los departamentos de Cundinamarca, Boyacá, Santander y Norte de Santander (Oriente de los Andes) en donde se encontraron la mayoría de los materiales silvestres por lo tanto son áreas potenciales para trabajos de conservación y mejoramiento genético de *Physalis*.

Los siete cebadores RAMs generaron un total de 135 bandas, 15 para el cebador CA y 28 para el CT, con pesos moleculares entre 250 y 1,200 Kb, el número de bandas obtenidas en este estudio se considera adecuado para la estimación de los parámetros genéticos [5,8,12]. El cebador CGA fue el que mayor aporte hizo a la variación genética observada con un F_{st} de 0.44, lo cual muestra que es un marcador molecular que debe ser tenido en cuenta a la hora de evaluar germoplasma de *Physalis* o especies relacionadas (Cuadro 3).

Los valores de heterocigosidad promedio estimada estuvieron comprendidos en un rango entre 0,24 y 0,33 para los cebadores Ag y CGA respectivamente, con porcentajes de loci polimórficos de 65 al 95%. El valor promedio para la población total fue de 0,27 con una desviación estándar de 0,03 (Cuadro 3), menor a reportado por Morillo *et al.* (2011) [12], quienes

Figura 1. Dendrograma de los materiales de uchuva (*P. peruviana* L.) basado en el Coeficiente de similitud de Nei-Li.



evaluaron morfológica y molecularmente, con RAMs, 18 introducciones de uchuva *P. peruviana* de la colección de la Universidad de Nariño encontrando valores de loci polimórficos del 100% y una heterocigosidad estimada de 0,44. Otros estudios de diversidad y estructura genética en Uchuva colombiana como los realizados por Chacón *et al.* (2016) [4] usando marcadores SSRs, reportan también un valor de heterocigosidad bajo ($He = 0,22$) atribuido al tamaño de la muestra, el origen de las accesiones y el tipo de marcador molecular utilizado. Osorio (2016) [8] evaluó la diversidad genética en un grupo de 100 accesiones de uchuva procedentes de diferentes regiones de Colombia con más de 5000 SNPs y encontró valores de heterocigosidad casi tres veces más alta que en este estudio. Garzón *et al.* (2015) [9] usando marcadores COSII e IRGs en germoplasma colombiano encontraron valores de $He = 0,30$, manifestando la existencia de alta variabilidad genética debido a la naturaleza alógama de la especie que cuenta con 54% de polinización cruzada lo cual favorece el flujo genético y la aparición de nuevos recombinantes ciclo tras ciclo.

El coeficiente de diferenciación genética fue de 0,35 según Wright (1978) [16], valores iguales o mayores a 0,35 muestran una gran diferenciación genética, la cual está asociada con el nivel de estructuración y la dinámica espacio-temporal a la cual están sometidos los materiales de uchuva en su entorno natural. El Análisis de Varianza Molecular AMOVA, muestra que el 76% de la variabilidad genética observada en los materiales de uchuva colectados

Cuadro 3. Parámetros genéticos determinados en el germoplasma de uchuva evaluado.

Primer	No. bandas	He Estimada	% Loci Polimórficas (95%)	Fst	SD
ACA	16	0,32	87,50	0,35	0,01
AG	17	0,24	64,71	0,24	0,04
CA	15	0,28	66,67	0,39	0,03
CCA	20	0,29	85,00	0,21	0,04
CGA	21	0,33	95,24	0,44	0,03
CT	28	0,26	75,00	0,42	0,04
TG	18	0,30	77,77	0,33	0,03
Total	135	0,27	79,26	0,35	0,03

Cuadro 4. Análisis de Varianza Molecular para los grupos formados.

Fuente	Grados de Libertad	Suma de Cuadrados	Cuadrado Medio	Est. Var.	%
Entre Grupos	2	87,83	43,92	5,65	24%
Dentro de Grupos	12	219,50	18,29	18,29	76%
Total	14	307,33	62,21	23,94	100%

en el departamento de Boyacá es debida al componente dentro de grupos y que el 24% (Cuadro 4) restante se atribuye a las diferencias existentes entre los grupos considerados, lo cual indica que se deben hacer estudios microgeográficos que incluyan todo ese componente de variación y que se pueda usar efectivamente en la identificación de materiales adaptados, con buen rendimiento, color, sabor y con tolerancia a *F. oxysporum*, principal problema fitosanitario, que respondan a las necesidades del agricultor, productor y consumidor. Resultados similares han sido reportados por Osorio (2016) [8], mostrando que el grupo formado por los materiales silvestres es el que presenta mayor diferenciación y tienen un gran potencial para el mejoramiento genético. Chacón *et al.* (2016) [4] encontraron niveles de diferenciación significativos entre los materiales y las cordilleras de los Andes ($FST = 0,174$, $P = 0,001$) concluyendo que la diversidad genética está más asociada

al componente geográfico que al biológico (silvestre o cultivado).

En Colombia la uchuva crece como una planta silvestre que está en un proceso de domesticación por lo cual más conocimiento y conservación de germoplasma nativo son necesarios para superar los actuales problemas agronómicos presentes en las principales regiones productoras. Los diferentes estudios de diversidad y estructura genética de germoplasma de *P. peruviana* y otras especies relacionadas usando diferentes herramientas biotecnológicas (marcados moleculares, secuenciación, bioinformática) han mostrado la existencia de variabilidad genética asociada tanto al estado biológico del material como al sitio geográfico de donde proceden los materiales. Lo anterior sugiere que en el germoplasma Colombiano de uchuva hay potencial para muchas características de interés comercial, agronómico y nutricional que todavía no ha sido explorado.

CONCLUSIONES

Se determinó la existencia de una variabilidad genética importante en los materiales de uchuva colectados, en el departamento de Boyacá, a pesar de que el número es bajo se encontró que ésta está principalmente influenciada por el sitio geográfico y a nivel intraespecífico lo cual sugiere niveles de jerarquización y subdivisión mayores a los considerados en este estudio. Los agrupamientos en este estudio se presentaron de acuerdo al origen geográfico de donde proceden los materiales y no por su estado biológico como había sido reportado en investigaciones en *Physalis*. Hay potencial en los materiales que debe ser conservado y aprovechado en el planteamiento de estrategias que conduzcan al mejoramiento genético de esta especie.

AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan su más cordial agradecimiento a los Laboratorios de Investigación en Biología Molecular, GEBIMOL y BIOPLASMA de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia. Al grupo de Investigación Competitividad, Innovación y Desarrollo Empresarial (CIDE).

REFERENCIAS

[1] CASTRO, J., OCAMPO, Y. and FRANCO, L. Cape Gooseberry (*Physalis peruviana* L.) calyces ameliorate TNBS acid-induced colitis in rats. *Journal of Crohn's and Colitis*, 9(11), 2015, p. 1004-1015.

[2] HASSAN, H., SERAG, H., QADIR, M. and RAMADAN, M.F. Cape gooseberry (*Physalis peruviana*) juice as a modulator agent for hepatocellular carcinoma-linked apoptosis and cell cycle arrest. *Biomedicine & Pharmacotherapy*, 94(1), 2017, p. 1129-1137.

[3] AGRONET. Cifras agropecuarias [on line]. 2016. Disponible: www.agronet.gov.co. [Citado 08 de Mayo de 2016].

[4] CHACÓN, M., SÁNCHEZ, Y. and BARRERO, L. Genetic structure of a Colombian Cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.) collection by means of microsatellite markers. *Agronomía Colombiana*, 34(1), 2016, p. 5-16.

[5] MARTÍNEZ, G., GUARÍN, J., DURÁN, P., MAYORGA, F., RODRÍGUEZ, F., LANDSMAN, D., RAMÍREZ, L. and BARRERO, L. Genetic diversity and Population structure in *Physalis peruviana* and related taxa based on Indels and SNPs derived from COSII and IRG markers. *Plant Gene*, 4(1), 2015, p. 29-37.

[6] SIMBAQUEVA, J. Analysis of *Fusarium oxysporum* effectors shared between strains that infect Cape gooseberry and tomato [Tesis de Doctorado en Ciencias de las Plantas]. Camberra (Australia): The Australian National University, Research School of Biology, Division of Plant Sciences, 2017, 146.

[7] GARZÓN-MARTÍNEZ, G.A., ZHU, Z.I., LANDSMAN, D., BARRERO, L.S. and MARIÑO-RAMÍREZ, L. The *Physalis peruviana* leaf transcriptome: assembly, annotation and gene model prediction. *BMC Genomics*, 13(1), 2012, p. 151-162.

[8] OSORIO, J., ENCISO, C., GONZÁLEZ, N., FERNÁNDEZ, L.A., MUELLER, L. and BARRERO, L. Association analysis for disease resistance to *Fusarium oxysporum* in Cape gooseberry (*Physalis peruviana* L.). *BMC Genomics*, 17(1), 2016, p. 1-16.

[9] GARZÓN, G.A., OSORIO, J., DELGADILLO, P., MAYORGA, F., ENCISO, F., LANDSMAN, D., MARIÑO, L. and BARRERO, L. Genetic diversity and population structure in *Physalis peruviana* and related taxa based on InDels and SNPs derived from COSII and IRG markers. *Plant Gene*, 4(1), 2015, p. 29-37.

[10] JUYÓ, D., SARMIENTO, F., ÁLVAREZ, M., BROCHERO, H., GEBHARDT, C. and MOSQUERA, T. Genetic diversity and population structure in diploid potatoes of group Phureja. *Crop Science*, 55(2), 2015, p. 760-769.

[11] BERDUGO, C., ENCISO, R., GONZÁLEZ, A. and BARRERO, M. Variabilidad genética de parentales y poblaciones F1 inter e intraespecíficas de *Physalis peruviana* L. y *P. floridana* Rydb. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 37(1), 2015, p. 179-192.

[12] MORILLO, A., VILLOTA, D., LAGOS, T. y ORDÓÑEZ, H. Caracterización morfológica y molecular de 18 introducciones de uchuva *Physalis peruviana* L., de la colección de la Universidad de Nariño. *Revista Facultad Nacional de Agronomía*, 64(2), 2011, p. 6043-6053.

[13] MORILLO, A., TOVAR, Y. and MORILLO, Y. Characterization of lulo (*Solanum quitoense* Lam.) genetic diversity in the department of Boyacá, Colombia. *Acta Agronómica*, 2017, 66(3), p. 430-435.

- [14] DELLAPORTA, S., WOOD, J. and HICKS, J. A plant DNA minipreparation: version II. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1(4), 1983, p. 19-21.
- [15] NEI, M. and LI, W.H. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonuclease. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 76(10), 1979, p. 5269-5273.
- [16] WRIGHT, S. *Evolution and the genetics of populations, variability within and among natural populations*. Chicago (USA): University of Chicago Press, 1978, 566 p.