

Artículos de Investigación Científica y Tecnológica

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LA PITAHAYA AMARILLA (*Selenicereus megalanthus* Haw.) EN LA PROVINCIA DE LENGUPÁ, BOYACÁ-COLOMBIA

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF YELLOW PITAHAYA (*Selenicereus megalanthus* Haw.) IN THE LENGUPÁ

PROVINCE, BOYACÁ-COLOMBIA

CARACTERIZAÇÃO MOLECULAR PITAIÁIAS AMARELO (*Selenicereus megalanthus* Haw.) NA PROVÍNCIA LENGUPÁ, BOYACÁ-COLOMBIA

ANA CRUZ MORILLO-CORONADO¹, YEILY PAOLA TOVAR-LEÓN², YACENIA MORILLO CORONADO³

RESUMEN

*En los últimos años, la fruticultura se ha ido posicionando en Colombia, como una opción de crecimiento y reactivación agrícola, dentro de éstos la pitahaya amarilla (*Selenicereus megalanthus* Haw.) que es un cactácea silvestre, nativa de la región andina se ha constituido en un renglón importante para la economía del departamento de Boyacá. La presente investigación busca identificar la diversidad genética existente en los municipios productores de la provincia de Lengupá. Para lo cual se seleccionaron 12 materiales de pitahaya amarilla los cuales se caracterizaron con siete marcadores RAMs. Se generaron un total de 154 bandas con pesos moleculares entre 300 y 1450 Kb. A un coeficiente de similitud de 0,60, se conformaron dos grupos de forma muy laxa. El número de loci polimórficos varió entre 15 y 22 para los cebadores AG y CA, respectivamente, en general la*

Recibido para evaluación: 22 de febrero de 2016. **Aprobado para publicación:** 2 de Junio de 2016.

- 1 Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Grupo de Investigación CIDE. I.A, PhD. Fitomejoramiento. Tunja, Colombia.
- 2 Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia, Grupo de Investigación CIDE. Ing. Agrónomo. Tunja, Colombia
- 3 Universidad de los Llanos, Grupo de investigación en Biotecnología Vegetal. I.A, PhD. Fitomejoramiento. Villavicencio, Meta Colombia.

Correspondencia: ana.morillo@uptc.edu.co

variación encontrada con todos los marcadores fue alta con porcentajes de loci polimórficos comprendidos entre 76% (TG y CCA) Y 98% (CT). El valor promedio de heterocigosidad fue de 0,34 mucho más bajo que lo reportado en otros estudios de diversidad genética en cactáceas, pero más alto que lo encontrado hasta el momento en pitahayas en Colombia usando la técnica RAMs. Por lo tanto, existe variabilidad genética en los materiales de pitahaya amarilla de la provincia de Lengupá la cual puede ser aprovechada en estrategias de mejoramiento genético que busquen la identificación de materiales élite que respondan a las necesidades del mercado.

ABSTRACT

*In the last years, the fruit cultivation in Colombia has positioned as an option for growth and agricultural reactivation, within these the yellow pitahaya (*Selenicereus megalanthus* Haw.) which is a wild, native cactus in the Andean region has become an important sector for the economy of Boyacá. The current investigation seeks to identify the genetic diversity in producers municipalities the province of Lengupá. For that, were selected 12 yellow pitahaya materials it was characterized with seven markers RAMs. A total of 154 bands with molecular weights from 300 to 1450 Kb were generated. A similarity coefficient of 0,60, two groups of very lax manner were formed. The number of polymorphic loci ranged from 15 to 22 for the AG and CA primers, respectively, in general, the variation found with all markers was high with percentages of polymorphic loci ranging between 76% (TG and CCA) and 98% (CT). The average heterozygosity value of 0,34 was much lower than reported in other studies of genetic diversity in Cactaceae, but more higher that founded in pitahayas since now in Colombia using the technique RAMs. Therefore, genetic variability exists in yellow pitahaya materials from province of Lengupá, which can be exploited in breeding strategies seeking the identified of elite materials that responses to the market needs.*

RESUMO

*Nos últimos anos, a fruticultura tem se posicionado na Colômbia, como uma opção de crescimento e renascimento agrícola dentro destes pitahaya amarela (*Selenicereus megalanthus* Haw.) É um selvagem, cactos nativos da região andina foi constituída em uma linha importante para a economia do departamento de Boyacá. Esta pesquisa tem como objetivo identificar a diversidade genética nos municípios produtores da Província Lengupá. Para trazer a 12 os materiais pitaiaiás amarelos que foram caracterizados com sete marcadores foram selecionados RAMs. Um total de 154 bandas com pesos moleculares de 300-1450 kb foram gerados. Um coeficiente de similaridade de 0,60, dois grupos de forma muito solta é formado. O número de loci polimórficos variou de 15 a 22, para o PG e CA, respectivamente iniciadores, em geral, a variação encontrada com todos os marcadores foi elevadas percentagens de loci polimórficos que variam entre 76% (TG e CCA) e 98% (CT) O valor médio de heterozigosidade foi de 0,34 muito menor do que a relatada em outros estudos de diversidade genética em cactos, mas maior do que o encontrado até agora em Pitahayas na Colômbia utilizando a*

PALABRAS CLAVE:

Cactácea, Diversidad Genética, Microsatélites RAMs.

KEY WORDS:

Cactacéa, Genetic Diversity, Microsatellites RAMs.

PALAVRAS-CHAVE:

Cactaceae, Diversidade genética, Microsatélites RAMs.

técnica de RAMs. Portanto, existe variabilidade genética nos materiais de pitahaya amarela Lengupá provincia que podem ser exploradas em estratégias de melhoramento que visam identificar materiais de elite para atender as necessidades do mercado.

INTRODUCCIÓN

La pitahaya amarilla (*Selenicereus megalanthus* Haw.) es un cactácea silvestre, nativa de la región andina que se encuentra distribuida geográficamente en Bolivia, Perú, Ecuador, Colombia y Venezuela. Es considerada un frutal exótico, debido principalmente a sus características como sabor, apariencia, calidad y propiedades nutraceuticas y con un gran potencial de mercado tanto a nivel nacional como internacional [1]. Colombia ha sido el país pionero en la producción de pitahaya amarilla (*S. megalanthus*), para el año 2013, contó con 691 hectáreas sembradas con este frutal, distribuidas

principalmente en los departamentos de Valle del Cauca, Cundinamarca, Huila, Santander y Boyacá, siendo este último el de mayor área cultivada [2]. Boyacá es uno de los departamentos más ricos en recursos naturales, con una infraestructura energética, vial y de servicios adecuados y una posición geográfica privilegiada que le ha permitido centrar su actividad económica en una agricultura tradicional, en él son 12 los municipios productores de pitahaya a saber: Berbeo, Briceño, Buenavista, Chitaraque, Coper, Miraflores, Otanche, Páez, San Eduardo, Santana, Tunungua y Zetaquirá, los cuales tienen el potencial productivo para hacer de la pitahaya un cultivo económicamente rentable [2].

En el plan tecnológico de la cadena productiva de la pitahaya amarilla desarrollado por el Centro Regional de Gestión para la Productividad e Innovación de Boyacá (CREPIB) y el grupo de investigación GIBSO, se llegó a la identificación de la pitahaya como una de las cadenas más productivas para la provincia de Lengupá (Miraflores, Berbeo, Zetaquirá, Páez, San Eduardo) y de algunos problemas relacionados con la calidad de la fruta, el nivel tecnológico, la asociatividad y la falta de material de siembra lo cual conlleva a una baja productividad [3]. Las Universidades y Centros de Investigación han desarrollado trabajos en las áreas de fisiología, fitopatología, genética y agronomía entre otras, con el fin de tratar de dar solución a estos problemas [4,5,6,7]. Estos estudios muestran que sólo existe una variedad de pitahaya y que esto

la hace vulnerable a los problemas fitosanitarios por lo cual es necesario llevar a cabo estudios genéticos que conlleven a la identificación de materiales élite que satisfagan las necesidades de la cadena.

La caracterización de la diversidad genética de las poblaciones y la identificación de las especies de pitahaya se hizo anteriormente con base en características morfológicas, sin embargo éstas son fuertemente influenciadas por el ambiente, por lo tanto la identificación molecular se ha convertido en la principal herramienta para la caracterización y manejo de colecciones de germoplasma de muchas especies frutales [8]. La aplicación de este tipo de herramientas biotecnológicas ha permitido identificar las relaciones genéticas entre los géneros *Hylocereus* y *Selenicereus*, evaluar la fertilidad de híbridos triploides y aneuploides entre *Hylocereus polyrhizus* y *Selenicereus megalanthus*, demostrar el origen alopoliploide de estas especies [9,10]. El uso de marcadores moleculares como AFLPs, RAPDs y la secuenciación de regiones específicas del cloroplasto han mostrado existencia de variabilidad genética en las especies de estos géneros [11, 12].

Entre los marcadores microsatélites los RAMs son muy útiles para medir la diversidad genética en plantas y animales e identificar relaciones entre familias, especies y al interior de la especie, además es una metodología factible para pequeños laboratorios, no requiere información previa. Trabajos sobre la diversidad genética en especies frutales sugieren que la técnica es útil para identificar materiales o accesiones duplicadas dentro de las colecciones de germoplasma y establecer relaciones entre las especies [13,14]. En la provincia de Lengupá no se ha realizado una colecta de materiales silvestres y cultivados para caracterizarlos e identificar su diversidad genética como un punto de partida hacia la identificación de materiales élite. Dentro de este contexto, el objetivo principal de este estudio fue la caracterización de la diversidad genética de los materiales de pitahaya amarilla (*Selenicereus megalanthus*) en la provincia de Lengupá, el cual fue desarrollado dentro de un enfoque multidisciplinar en donde participaron la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia con el grupo de investigación CIDE, el CREPIB y los productores de la provincia de Lengupá, Pitafcol y Piedras Verdes, para lograr una primera aproximación al planteamiento de estrategias que conduzcan al mejoramiento genético de estas especies.

MÉTODO

Colecta del material vegetal

La colecta de los genotipos de pitahaya amarilla (*S. megalanthus*) se realizó en los municipios productores del departamento de Boyacá como son Berbeo, Zetaquirá, Páez, San Eduardo y Miraflores, en fincas de agricultores en donde se seleccionó semilla vegetativa (Cuadro 1).

Establecimiento de la Colección en campo

La siembra del material vegetal se realizó en la finca El pedregal, vereda Rusa en el municipio de Miraflores Boyacá ubicado a 1432 msnm, latitud 5°11' y longitud 73°08', el cual presenta una precipitación promedio de 2500 mm, una temperatura que oscila entre los 18 y 24°C y humedad relativa media de 87%.

Se establecieron un total de 12 materiales de pitahaya provenientes de las fincas de los productores de pitahaya de la zona en estudio.

Caracterización molecular

La caracterización molecular se realizó en los laboratorios de investigación en Biología Molecular de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia (UPTC), Tunja. Para la extracción de ADN se utilizó el protocolo de Dellaporta *et al.* (1983) [15], este se visualizó en geles de agarosa al 0,8% en una cámara Maxicell Primo EC-340 Electroforesis Gel

Cuadro 1. Sitios de colecta de los materiales de pitahaya amarilla en la provincia de Lengupá.

	Municipio	Vereda	Ubicación geográfica
1	Miraflores	Rusa	05°31'40"N -74°06'51"W
2	Berbeo	Batatal	05°13'36"N-73°07'34"W
3	Miraflores	Rusa	05°31'40"N -74°06'51"W
4	Miraflores	Rusa	05°31'40"N -74°06'51"W
5	Miraflores	Rusa	05°31'40"N -74°06'51"W
6	Miraflores	Rusa	05°31'40"N -74°06'51"W
7	Zetaquirá	Hormigas	05°16'56"N-73°10'08"W
8	Paéz	Yamunta	05°06'04"N-73°03'04"W
9	San Eduardo	Rusa	05°12'00"N-73°03'00"W
10	Miraflores	Rusa	05°31'40"N 74°06'51"W
11	Miraflores	Rusa	05°31'40"N -74°06'51"W
12	Miraflores	Rusa	05°31'40"N -74°06'51"W

System. La determinación de su concentración se hizo en el fluorómetro Hoefer Dyna Quant 200 y se diluyó en agua HPLC a un volumen total de 100µL 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).

Cuadro 2. Primers utilizados en la técnica Microsatélites RAMS.

Cebadores	Secuencia (5' a 3')
CCA	DDB(CCA) ₅
CGA	DHB(CGA) 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 son usadas 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).

Para la amplificación se preparó el cóctel en un tubo estéril de microcentrífuga (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 2µM y ADN genómico 10 ng. La amplificación se llevó a cabo en un termociclador PTC-100 Programmable Thermal Controller de MJ Research, Inc. La desnaturalización inicial fue de 95°C durante 5 minutos; 37 ciclos de desnaturalización a 95°C por 30 segundos, Hibridación: 58°C (Primer GT, CGA), 50°C (Primer AG, CA, ACA), y 55°C (Primer CCA, TG, CT) durante 45 segundos. Con una extensión de 72°C por 2 minutos y la extensión final a 72°C durante 7 minutos. Los productos de amplificación se separaron por electroforesis en geles de agarosa de alta resolución al 1,5% a 100 voltios durante 3 horas visualizándose en un transiluminador.

Análisis estadístico de datos

Se generó una matriz binaria de presencia (1) y ausencia (0). La similitud genética entre los materiales evaluados se calculó con el coeficiente de Nei y Li (1979) [16]. El análisis de agrupamiento se realizó por el método UPGMA y se generó un dendrograma empleando el paquete estadístico NTSYS (Numerical Taxonomy System for personal Computer, versión 2.02 PC). Los parámetros de diversidad genética que se estimaron con el programa TFPGA (Tools

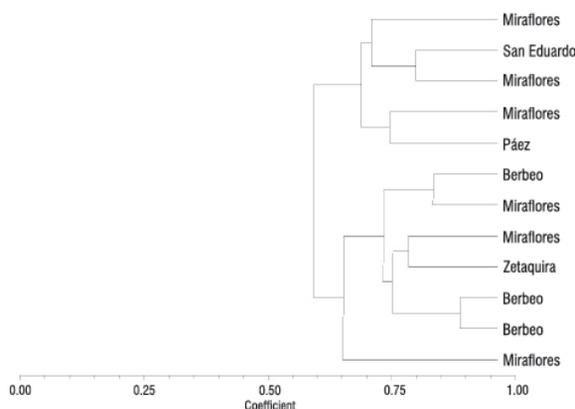
For Population Genetic Analysis, versión 1.3, 1997) fueron el porcentaje de loci polimórficos y la heterocigosidad insesgada. Se determinó el valor de “F” estadístico insesgado con un intervalo de confianza de 95%. El Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) se hizo con el programa GenAEx 6.41.

RESULTADOS

El análisis mediante el coeficiente de Nei-Li [16] a un nivel de similitud del 0,60 originó dos grupos, en el primero encontramos las pitahayas amarillas colectadas en los municipios de San Eduardo, Miraflores y Paéz y en el segundo se incluyen además materiales procedentes de las zonas de Bermeo y Zetaquira (Figura 1). Este nivel de similitud que va desde cero (muestras idénticas) a uno (muestras distintas) es alto sin embargo es menor a lo reportado en otros estudios de diversidad genética en pitahaya amarilla [6] por lo cual existe variabilidad en los materiales evaluados en la zona de estudio.

Estos materiales están siendo evaluados en un estudio de caracterización morfológica, en donde estos caracteres han mostrado una estructura bastante homogénea, sin embargo se han encontrado caracteres variables en relación al fruto, la pulpa y la semilla (datos sin publicar). Estudios de caracterización morfológica en materiales de pitahaya amarilla procedentes de los departamentos de Boyacá, Huila, Valle del Cauca y Santander, muestran que existe una baja variabilidad la cual no pudo ser separada por sitios geográficos ya que mantienen una misma diversidad genética [6].

Figura 1. Dendrograma de *Pitahaya amarilla* basado en el coeficiente de similitud de Nei-Li y calculado con siete marcadores RAMs, con el método de clasificación UPGMA, SAHN y TREE de NTSys-pc Versión 1.8.



El agrupamiento encontrado en este estudio muestra que a pesar de la uniformidad morfológica observada y los índices de similitud tan altos (0,79), a que es una especie autógama, con reproducción preferentemente asexual, existe variabilidad lo cual se ve reflejado en que no hay una formación consistente de grupos por origen geográfico sino que hay una distribución laxa de los materiales a través de los sitios evaluados y que hay variabilidad entre los materiales de una misma vereda la cual puede ser aprovechada en la obtención de nuevos materiales de siembra.

Los siete cebadores RAMs utilizados para la caracterización molecular de los materiales de pitahaya amarilla procedentes de la provincia de Lengupá, generaron una matriz de 1848 entradas y se obtuvieron un total de 154 bandas de las cuales se seleccionaron 127 las cuales representan el 82% de polimorfismo. El número de bandas por cebador varió de 19 para el AG y 27 para el CGA, con pesos moleculares entre 300 y 1450 Kb. El número de bandas obtenido en este estudio se consideró adecuado para la estimación de los parámetros genéticos al ser comparados con otros estudios de diversidad genéticas en donde se han usado estos marcadores mandarina (106 bandas) [13], Caducifolios (121 bandas) [14], pitahaya (111 bandas) [17] entre otros. El porcentaje de loci polimórficos para los siete cebadores estuvo comprendido entre 76% (CCA y TG) y 98% (CT), con una heterocigosidad promedio esperada de 0,32 a 0,41 para los cebadores CCA y CT, respectivamente. El cebador CT fue el que permitió encontrar una mayor diferenciación entre los materiales con un Fst de 0,67 (Cuadro 3), lo cual significa que puede ser útil para estudios de diversidad genética en el género *Hylocereus*. Los estimativos de diferenciación genética fueron muy disímiles para los cebadores (ACA = 0,02 y CT = 0,67), lo cual puede ser debido a la naturaleza misma de cada uno de los marcadores (dominante), en donde la ausencia o presencia de una sola banda es significativa para la determinación de la variabilidad genética.

Para la población total el porcentaje de loci polimórficos y la heterocigosidad promedio esperada (He) fueron de 82% y 0,36 respectivamente, debido a la naturaleza genética de los materiales, el tipo de marcador, la cobertura del genoma, entre otros. El coeficiente de diferenciación genética obtenido (Fst) al evaluar los materiales de pitahaya con los siete marcadores RAMs fue de 0,34 con una desviación estándar de 0,04 (Cuadro 3). Según Wright (1978) [18], valores mayores de 0,25 muestran una gran diferenciación genética, mostrando así que los grupos formados presentan frecuencias alélicas diferentes.

Cuadro 3. Heterosigosidad promedio estimada (*He*) y porcentaje de loci polimórficos para los siete cebadores RAMs evaluados en los materiales de Pitahaya amarilla (*Selenicereus megalanthus*).

Cebador	N° Loci Polim	He estimada	% Loci polimórficos (95%)	Fst	SD
ACA	17	0,37	81	0,02	0,03
AG	15	0,34	79	0,11	0,04
CA	22	0,33	81	0,52	0,06
CCA	16	0,32	76	0,13	0,03
CGA	17	0,38	85	0,09	0,06
CT	21	0,41	98	0,67	0,05
TG	19	0,34	76	0,45	0,05
Total	127	0,36	82	0,34	0,04

El análisis de varianza molecular AMOVA muestra que el 69% de la variación observada en los materiales de pitahaya amarilla es explicada por el componente dentro de grupos y tan solo un 31% por la diferenciación entre grupos por lo cual se hace necesario considerar niveles de subdivisión y jerarquización mayores a los contemplados en este estudio, además de altos niveles de variación a nivel intraespecífico, la cual debe ser aprovechada para el planteamiento de estrategias de manejo y conservación de este recurso fitogenético (Cuadro 4). Lo cual también ya había sido reportando en otros estudios de diversidad genética usando este tipo de marcador [13, 14].

En estudios de diversidad genética en otras especies de la familia Cactacea se han encontrado valores heterocigosidad promedio esperada superior a la reportada en este estudio, en *Uebelmannia pectinifera*. Moraes *et al.* (2014) [19], obtuvieron valores de *He* entre 0,38 a 0,85, Lozano *et al.* (2015) [20], en la especie *Stenocereus gummosus*, reportaron valores de *He* entre 0,31 a 0,41 con *Fst* de 0,29 a 0,38, con estos parámetros genéticos se logró establecer la variabilidad genética presente en esta cactácea. Contreras *et al.* (2015) [21], usando isoenzimas y marcadores microsatélites estudiaron la diversidad genética y la estructura de poblaciones

Cuadro 4. Análisis de Varianza Molecular para los grupos formados con los siete marcadores RAMs.

Fuente	GI	SS	MS	Est. Var.	%
Entre Grupo	1	92,186	92,186	11,461	31%
Dentro Grupo	10	253,314	25,331	25,331	69%
Total	11	345,500		36,792	100%

silvestres y cultivadas de *Polaskia chende* (Cactaceae) en México, encontrando más alta diversidad genética con los microsatélites (*He*= 0,651) que con las isoenzimas (*He*= 0,479), ambas presentaron mayores valores en las poblaciones silvestres que en las cultivadas. Entre los factores que influyen la alta diversidad genética presente en estas especies cactáceas podemos mencionar, la autoincompatibilidad, la polinización por abejas y la dispersión de las semillas por los pájaros, murciélagos y humanos.

Hoy en día existen varios materiales de pitahayas en diferentes países, que han sido obtenidos a partir de las especies *Hylocereus*, también se han producido híbridos entre *Hylocereus* spp. y *Selenicereus* spp. Tel-Zur *et al.* (2004, 2005) [9,10]), establecieron las relaciones genéticas entre los géneros *Hylocereus* y *Selenicereus*, mostrando la cercanía genética entre los dos géneros. También evaluaron la fertilidad y potencial para mejoramiento de híbridos triploides y aneuploides entre *Hylocereus polyrhizus* y *Selenicereus megalanthus* encontrando que clones triploides y aneuploides produjeron semillas viables en tanto que el número de semillas por fruto dependió del donante de polen. Estos mismos autores mediante análisis RAPD demostraron la alopoliploidia más que la autopoliploidia con respecto al origen de estas especies. Con respecto a la diversidad genética de estas especies Legaria *et al.* (2005) [22], con materiales procedentes de México y Colombia encontraron 95% de polimorfismo usando la técnica AFLP.

García *et al.*, 2013 [12], realizaron una caracterización molecular de tres especies de *Hylocereus* (Cactaceae) presentes en México utilizando las regiones del cloroplasto *matK*, *rbcl* y *psbA* y el espaciador intergénico *trnL-F* como código de barras. Los resultados encontrados permitieron

identificar distintos niveles de variación intra e interespecífica. Pereira *et al.* (2010) [23], estudiaron la diversidad genética de pitahayas nativas del Cerrado Brasileiro con marcadores RAPD, se encontraron altas distancias genéticas debido a que los materiales evaluados no pertenecían todos a la misma especie, los grupos formado no correspondieron con su origen geográfico sin embargo se observó gran diversidad genética. Tao *et al.* (2014) [17], caracterizaron las relaciones genéticas de las accesiones de *Hylocereus* spp por caracteres morfológicos y marcadores ISSR encontrando una gran diversidad genética tanto a nivel morfológico como molecular. Los estudios anteriores ponen de manifiesto una alta variabilidad genética que debe ser usada para generación de nuevos materiales que permitan suplir las necesidades del mercado.

Caetano *et al.* (2011) [6], caracterizaron molecularmente el banco de germoplasma de pitahaya de la Universidad Nacional de Colombia, sede Palmira usando la técnica RAMs, la cual permitió discriminar los materiales según el género que pertenecen *Selenicereus* (*S. megalanthus* de Colombia y *Selenicereus* spp de Brasil) e *Hylocereus*. Además permitió detectar posibles accesiones duplicadas procedentes de los departamentos de Boyacá, Valle del Cauca y Risaralda. En el análisis de agrupamiento se observó que *S. megalanthus* muestra un menor coeficiente de variación con relación a *Hylocereus* spp. La heterocigosidad promedio para la población total fue de 0,14, revelando poco polimorfismo genético en los grupos analizados, lo que sugiere una baja variabilidad entre las accesiones de pitahaya amarilla. Estos resultados pueden estar asociados a la naturaleza autógena de la plantas y al tipo de reproducción asexual preferencial en la multiplicación de materiales. El porcentaje de loci polimórficos fue de 53%. Los anteriores resultados son mucho menores a los encontrados en este estudio ($H_e=0,34$, loci polimórficos=82), lo cual sugiere que en la zona de estudio existe variabilidad genética, la cual puede ser usada dentro de las estrategias que conduzcan a la identificación de materiales élite adaptados a la zona con mejor producción y un buen comportamiento fitosanitario.

CONCLUSIONES

Los marcadores microsatélites amplificadas al azar RAMs dividieron a los materiales evaluados en dos grandes grupos con una distribución laxa de individuos; el valor de heterocigosidad encontrado es más bajo que lo reportado en estudios de diversidad genética en cactáceas pero mucho más alto que lo encontrado en pitahayas en Colombia, lo cual quiere

decir que en la provincia de Lengupá hay variabilidad genética debe ser conservada y aprovechada dentro de estrategias de mejoramiento que permitan la identificación de materiales élite que suplan las necesidades del agricultor, productor y consumidor.

AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan sus más sinceros agradecimientos al Centro Regional para la Productividad e Innovación de Boyacá (CREPIB), la asociación de productores de pitahaya de la provincia de Lengupá (Pitafcol y Piedra Verdes), a los laboratorios de investigación en biología molecular BIOPLASMA y GEBIMOL, a los grupos de investigación Competitividad Innovación y Desarrollo Empresarial (CIDE) (UPTC) y Biotecnología Vegetal y Mejoramiento Genético (Unillanos) y al apoyo financiero de la Dirección de Investigaciones, DIN, de la Universidad Pedagógica y Tecnológica de Colombia.

REFERENCIAS

- [1] SUÁREZ, R. CAETANO, C., RAMÍREZ, H. y MORALES, J. Caracterización morfoanatómica y fisiológica de semilla sexual de pitahaya amarilla *Selenicereus megalanthus* (Haw.) Britt and Rose. Revista de la Asociación Colombiana de Ciencias Biológicas, 24(2), 2012, p. 97-111.
- [2] AGRONET. Red de Información y Comunicación Estratégica del Sector Agropecuario-Agronet-Colombia [on line]. 2013. Disponible: <http://www.agronet.gov.co/www/htm3/ReportesAjax/VerReporte.aspx>. [Citado 21 de diciembre de 2015].
- [3] DUEÑAS, D., VIANCHA, Z. y OCHOA, F. Plan Tecnológico para la cadena productiva de la pitahaya amarilla (*Selenicereus megalanthus*) en la provincia de Lengupá (2013-2018). Tunja (Colombia): Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural, 2013, 48 p.
- [4] TAKUMASA, K., MARTÍNEZ, M., MEDINA, J., REBOLLEDO, A. y CARDOZO, C. Manual técnico. Tecnología para el manejo de pitahaya amarilla *Selenicereus megalanthus* (K. Schum. ex Vaupel) Moran en Colombia [on line]. 2013. Disponible:http://people.scalenet.info/wp-content/uploads/2009/11/Manual-manejo-pitaya-amarilla_2013.pdf. [Citado 13 de Enero de 2016].

- [5] DALLOS, M., TIRADO, A., MICÁN, Y., FISCHER, G. y RODRIGUEZ, R. Cactaceae, Pitahaya *Selenicereus megalanthus* (K. Schum. ex Vaupel) Moran (Cactaceae). Biotecnología aplicada al mejoramiento de los cultivos de frutas tropicales, 10(37), 2010, p. 105-135.
- [6] CAETANO, C., TAMAYO, F., MUÑOZ, J., MORALES, J., SUÁREZ, R., SANDOVAL, C., MARTÍNEZ, M., CAÑAR, D., PEÑA, R., SÁNCHEZ, E., GALÍNDEZ, E., ROJAS, R., JIMÉNEZ, J., BENAVIDES, A. y PÉREZ, L. Enfoque multidisciplinario para solución en el agro colombiano: El caso Pitahaya amarilla *Selenicereus megalanthus*. Revista de la Asociación Colombiana de Ciencias Biológicas, 23(1), 2011, p. 52-64.
- [7] MARTÍNEZ, R., LIVERA, M. y MÁRQUEZ, G. Caracterización morfológica y compatibilidad sexual de cinco genotipos de pitahaya (*Hylocereus undatus*). Agrociencia, 39(2), 2015, p.183-194.
- [8] STANYS, V., FRERCKS, B., SIKSNIANIENE, B., STEPULAITIENE, I., GELVONAUSKIENE, D., STANIENE, G. and BOBINAS, C. Identification of sweet cherry (*Prunus avium* L.) cultivars using AFLP and SSR markers. Žemdirbystė=Agriculture, 99(4), 2012, p.1392-1396.
- [9] TEL-ZUR, N., ABBO, S., BAR, D. and MIZRAHI, Y. Genetic relationships among *Hylocereus* and *Selenicereus* vine cacti (Cactaceae): evidence from hybridization and cytological studies. Annals of Botany, 94(4), 2004, p. 527-534.
- [10] TEL-ZUR, A., ABBO, S. and MIZRAHI, Y. Cytogenetics of semi-fertile triploid and aneuploidy intergeneric vine cacti hybrids. Journal of Heredity, 96(2), 2005, p. 124-131.
- [11] ZHANG, X. and SOMASUNDRAM, C. Extraction of genomic DNA from roots and leaves of *Hylocereus undatus*. Journal of Plant Science, 60(3), 2012, p. 345-348.
- [12] GARCÍA, M., TERRAZAS, T., LEÓN, O., ARIAS, S., VIBRANS, H. y LÓPEZ, L. Caracterización molecular de tres especies de *Hylocereus* (Cactaceae) presentes en México. Revista Fitotecnia Mexicana, 36(1), 2013, p.13-22.
- [13] MORA, S., MORILLO, Y., MORILLO, A., CAICEDO, A. y MUÑOZ, J. Caracterización molecular con microsatélites aleatorios RAMs de 30 accesiones de mandarina (*Citrus reticulata*) del banco de germoplasma de Corpoica-Palmira. Investigación Agropecuaria, 10(2), 2013, p. 161-172.
- [14] MORILLO, A., MORILLO, Y., GONZÁLEZ, L. y ÁVILA, I. Variabilidad interespecífica de duraznos (*Prunus pérsica* L. Batsch.) y ciruelos (*Prunus domestica*) usando RAMs. Revista Colombiana de Biotecnología, 17(1), 2015, p. 61-69.
- [15] DELLAPORTA, S., WOOD, J. and HICKS, J. A plant DNA miniprep: Versión II. Plant Molecular Biology Reporter, 1(4), 1983, p.19-21.
- [16] NEI, M. and LI, W. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restricción endonucleasa. Proceedings of the National Academy of Sciences, 76(10), 1979, p. 5269-5273.
- [17] TAO, J., QIAO, G., WEN, X., GAO, G., LIU, T., PENG, Z., CAI, Y., CHEN, N., YAN, F. and ZHANG, B. Characterization of genetic relationship of dragon fruit accesions (*Hylocereus* spp.) by morphological traits and ISSR markers. Scientia Horticulturae, 170(7), 2014, p. 82-88.
- [18] WRIGHT, S. Evolution and the genetics of populations, variability within and among natural populations. Chicago (USA): University of Chicago Press, 1978, 566 p.
- [19] MORAES, E., CIDADE, F., SILVA, G. and MACHADO, M. Polymorphic microsatellite markers for the rare and endangered cactus *Uebelmannia pectinifera* (Cactaceae) and its congeneric species. Genetics and Molecular Research, 13(4), 2014, p. 10359-10366.
- [20] LOZANO, O., LEÓN, J., FAVELA, S. and GARCÍA, F. New interpretations about clonal architecture for the sour pitaya (*Stenocereus gummosus*, Cactaceae), arising from microsatellite markers of *de novo* isolation and characterization. Open Journal of Genetics, 5(1), 2015, p.1-11.
- [21] CONTRERAS, G., RUIZ, M., CABRERA, D., CASAS, A., VARGAS, O. and PARRA, F. Genetic diversity and structure of wild and managed populations of *Polaskia chende* (Cactaceae) in the Tehuacán-Cuicatlán Valley, Central Mexico: insights from SSR and allozyme markers. Genetics Resources and Crop Evolution, 62(1), 2015, p. 85-101.
- [22] LEGARIA, J., ALVARADO, M. y GASPAR, R. Diversidad genética en pitahaya (*Hylocereus undatus* Haworth. Britton y Rose). Revista de Fitotecnia Mexicana, 28(3), 2005, p. 179-185.
- [23] PEREIRA, K., GELAPE, F., VILELA, N., BELLON, G., DE LIMA, C. and DE SOUZA, L. Diversidade genética de pitayas nativas Do Cerrado com base em marcadores RAPD. Revista Brasileira de Fruticultura, 32(3), 2010, p. 819-824.