





Título

Superficie de semilla, pericarpo con patrones de ornamentación

Técnica

Microscopía de barrido SEM (*scanning electron microscope*) con agrupación de imágenes del detector de electrones secundarios y del detector de electrones retrodispersados, con coloreado digital.

Autoría

Nydia Yadira Arias Morales
Juan Camilo Henao-Rojas
Paola Andrea Hormaza Martínez
Colorización y diseño: Jaime Wilches

Descripción

Lo que se reconoce como semilla de zanahoria en realidad es un fruto seco denominado mericarpo (esquizocarpos), que mide entre 2 y 3 milímetros de largo, tiene forma ovalada o plana convexa y

presenta un color marrón claro o grisáceo. Se caracteriza por ser ovalado, plano por una cara y tener 5 costillas longitudinales con pequeños tricomas o pelos en la superficie externa.

Capítulo III

Diversidad genética de la zanahoria

Luis Felipe López Hernández

Andrés Javier Cortés Vera

Resumen

El presente capítulo revisa el contexto genético evolutivo de la zanahoria (*Daucus carota* L. subsp. *sativus*), desde su domesticación en Asia Menor hasta su expansión y diversificación agronómica alrededor del mundo. Se refuerza la evidencia filogenética que demuestra una evolución reticulada dentro del género *Daucus*, con hibridación e introgresión entre especies silvestres y cultivadas. Igualmente, se discute la diversificación adaptativa de *D. carota*, su amplia plasticidad ecológica y la relevancia de la variabilidad genética silvestre como fuente de tolerancia a estreses abióticos y resistencia a enfermedades. En últimas, estos procesos han permitido enriquecer el *pool* genético disponible para el premejoramiento de la especie. A un nivel más metodológico, el capítulo también presenta avances genómicos recientes para el cultivo, concretamente el ensamblaje del genoma de la zanahoria y la identificación de genes clave en rutas como la biosíntesis de ca-

rotenoides y compuestos bioactivos, así como genes asociados a respuestas frente a sequía, salinidad y patógenos. Esta línea base permite a futuro el uso de selección asistida por marcadores, *speed breeding* y edición genética (CRISPR-Cas9), con la promesa de acelerar el desarrollo de cultivares más nutritivos, resistentes y adaptados al cambio climático. Finalmente, este compendio identifica rutas de investigación inminentes para potenciar el recurso genómico en zanahoria. En concreto, se hace énfasis en la imperiosa necesidad de mejorar la anotación funcional, integrar datos multiómicos, potenciar el germoplasma silvestre, y promover la selección y adopción de nuevas variedades capaces de responder a los retos productivos, adaptativos y climáticos que aquejan el norte de Suramérica, en concreto Colombia, traduciendo así los avances genómicos de última generación para la especie en soluciones agrícolas y nutricionales sostenibles.



Introducción - Contexto botánico de la zanahoria [*Daucus carota* L., subsp. *sativus* (Hoffm.) Schübl. & G. Martens] (Apiaceae)

La zanahoria brinda un viaje botánico fascinante a través del tiempo, que nos lleva desde las humildes raíces silvestres de la antigua Persia hasta los modernos vegetales que adornan nuestras mesas en la actualidad. La zanahoria silvestre, científicamente nombrada de acuerdo con la tradición Linneana como *Daucus carota* L. (Apiaceae), ha experimentado una evolución notable desde sus orígenes en Asia Menor, donde su cultivo (*i.e.*, subsp. *sativus*, de un total de 23 subespecies) se remonta a unos cinco mil años atrás (Iorizzo et al., 2013). Esta hortaliza ha sido testigo de la influencia de diversas culturas y civilizaciones a lo largo de los siglos, lo que ha contribuido a su domesticación y selección (Alam & Purugganan, 2024; Purugganan, 2022), transformándola gradualmente en la variedad de formas, tamaños y colores que hoy conocemos.

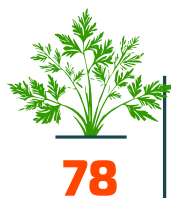
En la época de los antiguos griegos y romanos, la zanahoria era apreciada por su sabor y valor nutricional, así como por su supuesta capacidad para curar enfermedades. Se creía que era un tratamiento efectivo para una amplia gama de afecciones, desde problemas digestivos hasta afecciones oculares. Durante la Edad Media, la zanahoria continuó siendo importante en la medicina popular, ya que se creía que su consumo

podía mejorar la visión nocturna. Esta creencia, aunque exagerada, no es completamente imprecisa debido a su alto contenido en betacaroteno, el precursor de la vitamina A (Que et al., 2019).

En Europa, la zanahoria volvió a florecer durante el Renacimiento, gracias a los esfuerzos de botánicos y agrónomos que descubrieron sus propiedades culinarias y ornamentales. No obstante, durante los siglos posteriores, con la llegada de la Ilustración y el surgimiento de la ciencia moderna, se llevaron a cabo investigaciones más detalladas sobre su cultivo y mejoramiento genético. Estos avances permitieron que la especie se adaptara a diferentes condiciones climáticas y geográficas, lo que popularizó su cultivo en el mundo.

La zanahoria experimentó una nueva revolución en el siglo XX, con la llegada de la agricultura industrial y los avances en biotecnología, que introdujeron variedades híbridas y métodos de cultivo más eficientes. Hoy la zanahoria sigue siendo uno de los alimentos más consumidos en todo el mundo, precisamente por su versatilidad en la cocina y sus beneficios para la salud (Que et al., 2019). Su historia botánica nos recuerda la estrecha relación entre la humanidad y las plantas, así como los mecanismos de selección artificial que han reformado a nuestro mundo gastronómico de nuevas maneras.

En este contexto, el presente capítulo se propone revisar la diversidad genética de *Daucus carota* desde una perspectiva evolutiva y genómica, abordando su historia filogenética, la diversificación adaptativa y los avances recientes en genómica y biotecnología aplicados al mejoramiento del cultivo. Estos desarrollos adquieren una relevancia particular en el contexto



colombiano, donde la zanahoria constituye un cultivo hortícola estratégico para sistemas productivos de pequeña y mediana escala, especialmente en regiones altoandinas caracterizadas por una alta heterogeneidad ambiental. Sin embargo, el mejoramiento genético del cultivo en el país enfrenta el desafío estructural de una limitada disponibilidad de germoplasma local caracterizado, lo que ha conllevado una alta dependencia de materiales introducidos. En este escenario, la creciente disponibilidad de recursos genómicos para la especie ofrece oportunidades concretas para orientar programas de mejoramiento hacia la adaptación local, la resiliencia frente a estreses abióticos y bióticos, y la mejora del valor nutricional, mediante el uso estratégico de diversidad *ex situ*, enfoques genómicos y esquemas de premejoramiento que contribuyan a una agricultura más sostenible y pertinente para el país.

Diversificación filogenética e hibridación en el género *Daucus*

El estudio de los patrones filogenéticos de la zanahoria muestra una intrincada red de relaciones evolutivas entre las diferentes especies (de un total de 213) del género *Daucus*. La sistemática filogenética ha reconstruido árboles filogenéticos a través del análisis de secuencias de ADN y la comparación morfológica. Estos árboles revelan la diversificación y dispersión de estas plantas a lo largo del tiempo geológico (Iorizzo et

al., 2013). La zanahoria doméstica, *Daucus carota* subsp. *sativus*, tiene un ancestro común con varias especies silvestres que aún existen en las regiones de Asia Central y del Mediterráneo, con las que ha habido hibridación (Magnussen & Hauser, 2007).

La hibridación entre diferentes especies de *Daucus* ha sido develada por la investigación de patrones de flujo genético al interior de las filogenias, lo que ha complicado aún más la comprensión de su historia evolutiva. Se ha encontrado evidencia de introgresión genética, en la que los genes de una especie se han transferido a otra mediante hibridación y posterior retrocruzamiento del híbrido *F1* con algunas de las especies parentales (López-Hernández et al., 2023). Estos resultados han contribuido a la diversidad genética natural dentro del género *Daucus*, y demuestran la importancia de la conservación de las especies silvestres de zanahoria por su novedad intrínseca y su potencial para enriquecer el *pool* genético de las variedades cultivadas.

Los estudios filogenéticos también han proporcionado información importante para el mejoramiento genético de la zanahoria cultivada, permitiendo a los fitomejoradores identificar genes de interés (algunos de los cuales han permeado la barrera interespecífica) relacionados con características deseables como el rendimiento, la resistencia a enfermedades y la calidad del tubérculo (Selvakumar et al., 2023). Desde la ciencia básica, esta noción se ha podido apalancar para desarrollar variedades de zanahoria más resistentes y nutritivas, adaptadas a los desafíos agrícolas del siglo XXI, al comprender mejor la relación entre las diferentes especies de *Daucus* y su evolución a lo largo del tiempo.

En otras palabras, el estudio de los patrones filogenéticos de la zanahoria no solo nos ha permitido reconstruir su evolución reticulada (Magnussen & Hauser, 2007), sino que también revela posibles perspectivas para las variedades de zanahorias del futuro (Iorizzo et al., 2013). Recientes esfuerzos se han empeñado en potenciar oportunidades para la conservación (Cortés et al., 2022), el mejoramiento (Cortés & López-Hernández, 2021) y la explotación sostenible hortícola, al desentrañar la compleja red de relaciones filogenéticas en *Daucus*.

Diversificación adaptativa en *Daucus carota* L.

Según Cortés et al. (2018), la diversificación ecológica ha permitido a las variedades modernas abarcar un abanico de hábitats y ecosistemas (Joly-Lopez et al., 2016; Purugganan & Fuller, 2009). La zanahoria ha demostrado una notable capacidad de adaptación a contrastantes condiciones ambientales, desde las estepas secas de Asia Central hasta las plantaciones de Europa y América del Norte. Su amplia distribución en todo el mundo se debe a su capacidad para crecer en una variedad de suelos y climas, lo que la convierte en un componente impor-

tante de los sistemas agrícolas y ecológicos en muchas regiones (Iorizzo et al., 2013).

Además de ser útil como cultivo agrícola, la zanahoria es importante como planta silvestre en varios ecosistemas. *Daucus carota* puede encontrarse en una variedad de hábitats en su forma silvestre, desde praderas y pastizales hasta márgenes de caminos y terrenos baldíos (Que et al., 2019). Su presencia no solo alimenta a herbívoros, sino que también ofrece refugio y hábitat a una variedad de invertebrados, incluidos insectos polinizadores.

La variabilidad genética ofrece a su vez una amplia base genómica para la diversidad ecológica, que es esencial para la capacidad de adaptación (Gutaker & Purugganan, 2023) y supervivencia en diversos entornos (Nicotra et al., 2010). Las características morfológicas y fisiológicas de la zanahoria silvestre, que van desde raíces pequeñas y delgadas hasta formas grandes y robustas, han demostrado un componente de heredabilidad (h^2) intraespecífico base para la adaptación local, lo que en últimas redundo en diversidad de nichos ecológicos (Cañas-Gutiérrez et al., 2022; Reyes-Herrera et al., 2020). Esta variabilidad genética es un recurso valioso para el mejoramiento genético



CAROTA
360°



de la zanahoria cultivada, porque proporciona variación de base (*standing variation*) para tolerancia a estreses abióticos (Cortés et al., 2020), así como resistencia a enfermedades con incidencia *in situ* (Guevara-Escudero et al., 2021; Que et al., 2019).

La diversidad ecológica de la zanahoria es un componente esencial de su diversificación natural. La importancia de esta especie como planta silvestre en los ecosistemas naturales y su capacidad para adaptarse a diferentes condiciones ambientales destacan la imperiosa necesidad de conservar, comprender y apalancar la diversificación adaptativa (Meyer & Purugganan, 2013) y la base genética de adaptación (López-Hernández et al., 2023).

Reconstrucción de la constitución genómica de *Daucus carota* L.

La genómica moderna del siglo XXI ha permitido reconstruir el genoma de la zanahoria ($2n = 2x = 18$). La secuenciación y ensamblaje del

genoma de la zanahoria presentó una serie de desafíos para los equipos que buscan desentrañar su estructura y arquitectura funcional (Iorizzo et al., 2016), debido a su complejidad en tamaño (473 Mb) y heterocigosidad, tal como lo demostraron los genomas de otras especies cultivadas como el maíz o el arroz. Afortunadamente, el genoma de la zanahoria se ha mapeado utilizando técnicas avanzadas de secuenciación de ADN, lo que ha revelado una sorprendente diversidad genética y una compleja arquitectura genómica.

La presencia de genes relacionados con la biosíntesis de compuestos bioactivos como los carotenoides y los polifenoles es una de las características más innovadoras del genoma de la zanahoria (Iorizzo et al., 2016). Estos compuestos son responsables de la diversidad de colores de la zanahoria (figura 3.1) y sus beneficios para la salud, como una mejora visual y una reducción del riesgo de enfermedades crónicas. El estudio de estos genes y las redes metabólicas (Iorizzo et al., 2016) en las que se embeben no solo revela cómo se acumulan los compuestos bioactivos en la zanahoria, sino que también brinda oportunidades para el mejoramiento genético que busca seleccionar por su contenido nutricional y sus propiedades funcionales.





Figura 3.1. Diversidad observada en los colores de zanahoria. a. Bangor; b. Mello Yello; c. Olimpo; d. 5300; e. Deep Purple; f. White Satin.

Foto: Jaison Martínez Saldarriaga



El genoma de la zanahoria, adicionalmente, ofrece información genética relacionada con su adaptación a diferentes ambientes, a través del paradigma de *Genome - Environment Association* (GEA) (Cortés et al., 2022), además de su valor para la salud humana. Se han descubierto genes que están relacionados con la respuesta al estrés abiótico, como la sequía y la salinidad, así como con la resistencia a enfermedades y plagas. Estos genes son útiles para mejorar la zanahoria cultivada, especialmente ahora que el cambio climático y la presión ambiental aumentan a una tasa nunca antes vista.

En últimas, el genoma de la zanahoria es una mina en bruto para comprender su biología, evolución y potencial de mejoramiento genético (Iorizzo et al., 2016). Se espera que a medida que se avance en la reconstrucción funcional del genoma de la zanahoria, surjan nuevas oportunidades para desarrollar variedades más nutritivas, resistentes y sostenibles, que contribuyan a la seguridad alimentaria y la salud humana a nivel global.

Herramientas para la inducción de mutaciones de novo en zanahoria

La mutagénesis permite la inducción de mutaciones *de novo* (Holme et al., 2019), en contraposición al recurso de *standing variation* ya disponible en los genomas modernos (Cortés et al., 2018). De este modo, se puede manipular con mayor precisión el ADN de la zanahoria para producir variedades mejoradas con características innova-

doras (Stein & Nothnagel, 2006). La inducción de cambios en el ADN de la zanahoria se ha producido a través de técnicas clásicas de la mutagénesis, como la radiación ionizante o la aplicación de agentes químicos mutagénicos, que producen mutaciones aleatorias en el genoma, que a su vez pueden provocar nuevas variaciones fenotípicas. El tamaño, la forma, el color y la resistencia a enfermedades son rasgos que pueden verse modulados por mutaciones de manera pleiotrópica (Du et al., 2025), es decir que una misma mutación puede ser responsable de varios efectos fenotípicos de manera concurrente.

La mutagénesis en la zanahoria tiene múltiples usos, incluida la creación de variedades con mayor contenido de compuestos bioactivos, como carotenoides y antioxidantes. Los fitomejoradores apoyados en biotecnólogos pueden producir variedades con colores más intensos y concentraciones más altas de nutrientes beneficiosos para la salud, mediante la inducción de mutaciones en genes relacionados con la biosíntesis de estos compuestos (Selvakumar et al., 2023). Estas variedades mejoradas pueden brindar a los consumidores beneficios adicionales por su valor nutricional (Stein & Nothnagel, 2006).

La mutagénesis también ayuda a la zanahoria a ser más resistente a enfermedades y plagas. Es factible la producción de nuevas variedades más resistentes a las infecciones por hongos, bacterias y virus al inducir mutaciones en los genes involucrados en la interacción planta-patógeno (Stein & Nothnagel, 2006). Este método, en conjunción con las “ómicas” (Cortés et al., 2023), permite dejar de depender de los pesticidas químicos, promoviendo prácticas agrícolas más sostenibles y respetuosas con el medio ambiente.



Si bien la mutagénesis es una herramienta poderosa para el mejoramiento genético de la zanahoria (Selvakumar et al., 2023), capaz de brindar oportunidades para desarrollar variedades con mejor nutrición, resistencia a enfermedades y calidad agronómica, su uso puede verse limitado al catalogarse erróneamente por parte del público como un organismo genéticamente modificado (OGM). Se espera que, a medida que avanza la comunicación social de la investigación en este campo (Meyer et al., 2022), surjan nuevas técnicas y métodos que puedan aprovechar al máximo el potencial de la mutagénesis para satisfacer las necesidades de la agricultura y la alimentación del siglo XXI.

La frontera de la manipulación genética - Edición genética

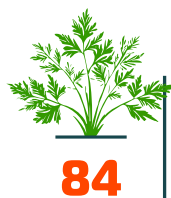
La edición genética ha surgido en la última década como una herramienta revolucionaria para modificar con precisión el ADN vegetal y animal (Barrera-Redondo et al., 2020). Su prospecto para mejorar características específicas de interés agronómico y nutricional no será ajeno a la zanahoria. El método más prominente de edición genética es el CRISPR-Cas9 (Doudna & Charpentier, 2014), acuñado en la divulgación científica popular como “tijeras moleculares”. Si bien por el momento la tecnología está en fase de prueba en varios cultivos, a futuro CRISPR-Cas9 y *speed breeding* (Bohra et al., 2021) permitirán alterar específicamente el genoma de la zanahoria, como ya lo han venido demos-

trando Klimek-Chodacka et al. (2018) usando protoplastos (Meyer et al., 2022), que se han enfocado en genes relacionados con el contenido de carotenoides o la resistencia a enfermedades.

La edición genética tiene muchos beneficios sobre los métodos tradicionales de mejoramiento genético, porque abre la posibilidad de modificar el genoma de manera específica sin necesidad de introducir genes de otras especies (via *Agrobacterium*, OGM s.s.). Esto reduce tiempo y recursos para generar nuevas variedades y evita posibles problemas regulatorios con los OGM (Doudna & Charpentier, 2014). Por lo anterior, la edición genética permitirá a los fitomejoradores del siglo XXI producir variedades de zanahoria con características mejoradas de manera más rápida y predecible (Dunemann et al., 2022).

Mediante la edición genética en zanahoria se podrían abordar demandas intrínsecas a la agricultura y la alimentación, como el aumento de la productividad, la mejora de la calidad nutricional y la adaptación al cambio climático. Por ejemplo, consorcios de investigación desarrollarían variedades de zanahoria más resilientes y productivas en diferentes entornos agrícolas, mediante la edición de genes relacionados con la resistencia a enfermedades o la tolerancia a condiciones ambientales adversas. Esto amortiguaría los efectos negativos de la heterogeneidad ambiental, la inseguridad alimentaria y la insostenibilidad de los sistemas alimentarios (Cortés & Du, 2023).

Tiempos excitantes se avecinan, y la edición genética se posicionará como una herramien-

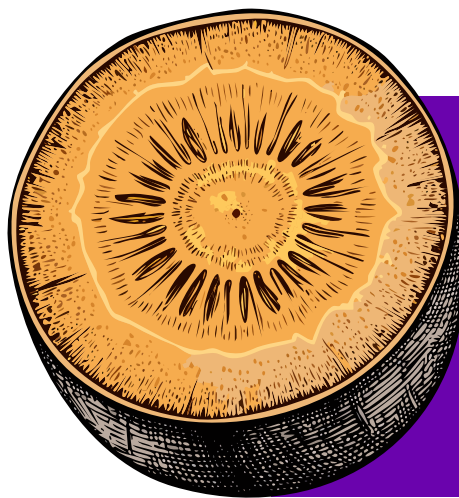


ta poderosa para el mejoramiento de la zanahoria, ya que permite desarrollar variedades con características mejoradas de manera precisa y eficiente. Se espera que, a medida que avanza la investigación en este campo, surjan nuevas oportunidades para aprovechar todo el potencial de la edición genética y abordar los desafíos emergentes en la agricultura y la alimentación. Si bien a nivel territorial la implementación de la edición genética en zanahoria aún está por verse en el corto plazo, el vertiginoso avance de la tecnología tanto a nivel internacional como nacional, junto con su regulación gubernamental cada vez más clara y concertada, prometen un apalancamiento de la innovación más contundente a escala local en el mediano y largo plazo, o al menos de sus productos derivados.

Brechas en la investigación sobre la diversidad genética de la zanahoria

Pese a los promisorios avances previamente descritos en el campo de la genética de la zanahoria, es de reconocer que persisten brechas significativas en la caracterización funcional de genes involucrados en rasgos agronómicos complejos, especialmente aquellos asociados con la adaptación a condiciones ambientales extremas y la acumulación de compuestos bioactivos. Lo anterior se debe, en parte, a que si bien los avances en la secuenciación del genoma de la zanahoria han sido substanciales, la anotación funcional sigue siendo incompleta, y muchas rutas metabólicas relevantes permanecen poco descritas. Además, la integración efectiva de datos multiómicos (*i.e.*, genómicos, transcriptómicos, metabolómicos) en programas de mejoramiento aún enfrenta limitaciones

computacionales y metodológicas. Asimismo, la baja representación de germoplasma silvestre en bancos de germoplasma, junto con cuellos de botella en su caracterización y utilización, limita el completo aprovechamiento de la variación genética disponible. En concreto, aunque se han hecho importantes descubrimientos científicos, muchas variedades silvestres siguen sin estudiarse, y podrían contener claves genéticas para enfrentar futuras crisis alimentarias. La edición genética, aunque prometedora, también enfrenta vacíos regulatorios y técnicos para su aplicación efectiva en zanahoria, haciéndola poco accesible en muchas regiones. También existen desafíos en llevar estos avances a los agricultores, especialmente a pequeños productores, quienes podrían beneficiarse más de nuevas variedades resilientes y sostenibles. A continuación, hacemos una proyección de posibles alternativas para superar estas brechas, lo cual requerirá una colaboración más estrecha entre ciencia, política y sociedad para que el conocimiento acumulado se traduzca en soluciones reales y equitativas (Kholova et al., 2024; Peláez et al., 2022).



Para no olvidar...

- » La diversidad de especies del género *Daucus* (más de 200) ofrece recursos genéticos valiosos para enfrentar desafíos como el cambio climático, enfermedades emergentes y adaptación ecológica.
- » La hibridación natural entre especies ha enriquecido la base genética de la zanahoria. Así, procesos como la introgresión y el retrocruzamiento han permitido el flujo de genes entre especies silvestres y cultivadas, generando rasgos agronómicos útiles.
- » La diversidad adaptativa de la zanahoria le permite crecer desde desiertos hasta zonas templadas, gracias a su capacidad de adaptación ecológica y morfológica, que la convierte en un cultivo estratégico para sistemas agrícolas resilientes, biodiversos y sostenibles.
- » El mapa genético de la zanahoria es una herramienta para desarrollar variedades del futuro. Su genoma ha sido secuenciado (473Mb), revelando genes relacionados con calidad, tolerancia al estrés y productividad, lo que facilita su mejoramiento moderno.



Foto: Paola Andrea Hormaza Martínez



Conclusiones y perspectivas de los autores

- » La historia botánica de la zanahoria, desde sus orígenes silvestres hasta su domesticación y mejoramiento moderno, refleja una compleja interacción entre procesos evolutivos naturales y selección humana en los que la genética media como base subyacente. Los avances en filogenia, genómica y biotecnología han revelado un rico mosaico de diversidad genética y funcional que puede ser aprovechada para enfrentar los desafíos actuales de la agricultura. La comprensión profunda de su evolución reticulada, adaptación ecológica y arquitectura genómica no solo ha permitido desarrollar variedades mejoradas, sino que ha sentado las bases para innovaciones más precisas a través de la mutagénesis y la edición genética. Sin embargo, el aprovechamiento de estas herramientas dependerá de un equilibrio cuidadoso entre innovación científica, aceptación social y sostenibilidad ambiental. Es así como la zanahoria se proyecta como un cultivo emblema para el mejoramiento participativo, la biofortificación y la sostenibilidad agrícola del siglo XXI. La zanahoria, por tanto, no es solo un cultivo de importancia nutricional y económica, sino también un sistema modelo para repensar el futuro del fitomejoramiento genético en una era de transformación global.

Perspectivas

- » La diversidad genética de la zanahoria ofrece un terreno promisorio para integrar datos genómicos, transcriptómicos y ambientales

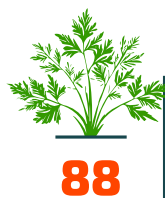
mediante enfoques de genética cuantitativa, selección asistida por marcadores y datos ómicos (Arenas et al., 2025; Bedoya-Londoño et al., 2025), y edición de precisión. El aprovechamiento de la variación genética *in situ* y *de novo*, sumado al avance de herramientas como CRISPR-Cas9 (Doudna & Charpentier, 2014), permitirá diseñar variedades adaptadas a estreses bióticos y abióticos con mayor eficiencia. Además, la incorporación de análisis de asociaciones genoma-ambiente (GEA) y genoma-fenotipo (GWAS) facilitará la identificación de loci adaptativos (Kholova et al., 2024; Peláez et al., 2022). Integrar estas aproximaciones de fitomejoramiento acelerado (*speed breeding*) posibilitará el desarrollo estratégico de cultivares de zanahoria más nutritivos, resilientes y sostenibles.

- » En últimas, la zanahoria representa un modelo ideal para integrar enfoques clásicos y modernos del mejoramiento vegetal en un contexto de cambio climático, crisis alimentaria y transición agroecológica. La continua exploración de su diversidad genética y ecológica, junto con el desarrollo de herramientas de edición genética y mutagénesis, abre posibilidades sin precedentes para customizar variedades más nutritivas, resilientes y sostenibles. Además, el creciente entendimiento de la relación genotipo-ambiente permitirá cultivar zanahorias adaptadas a sistemas agrícolas más diversos y menos dependientes de insumos externos. A nivel territorial, el reto estará en traducir estos avances científicos en aplicaciones concretas que beneficien tanto a agricultores como a consumidores, mediante políticas públicas informadas y marcos regulatorios actualizados que reconozcan la especificidad de estas nuevas tecnologías.



Referencias

- Alam, O., & Purugganan, M. D. (2024). Domestication and the evolution of crops: variable syndromes, complex genetic architectures, and ecological entanglements. *Plant Cell*, 36(5), 1227-1241. <https://doi.org/10.1093/plcell/koae013>
- Barrera-Redondo, J., Pinero, D., & Eguiarte, L. E. (2020). Genomic, transcriptomic and epigenomic tools to study the domestication of plants and animals: a field guide for beginners. *Front Genet*, 11, 742. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00742>
- Bohra, A., Kilian, B., Sivasankar, S., Caccamo, M., Mba, C., McCouch, S. R., & Varshney, R. K. (2021). Reap the crop wild relatives for breeding future crops. *Trends in Biotechnology*, 40(4), 412-431. <https://doi.org/10.1016/j.tibtech.2021.08.009>
- Cañas-Gutiérrez, G. P., Sepúlveda-Ortega, S., López-Hernández, F., Navas-Arboleda, A. A., & Cortés, A. J. (2022). Inheritance of yield components and morphological traits in avocado cv. Hass from “Criollo” “Elite Trees” via half-sib seedling rootstocks. *Frontiers in Plant Science*, 13, 843099. <https://doi.org/10.3389/fpls.2022.843099>
- Cortés, A. J., Castillejo, M. Á., & Yockteng, R. (2023). ‘Omics’ approaches for crop improvement. *Agronomy*, 13(5), 1401. <https://doi.org/10.3390/agronomy13051401>
- Cortés, A. J., Cornille, A., & Yockteng, R. (2022). Evolutionary genetics of crop-wild complexes. *Genes*, 13(1). <https://doi.org/10.3390/genes13010001>
- Cortés, A. J., & Du, H. (2023). Molecular genetics enhances plant breeding. *International Journal of Molecular Sciences*, 24(12), 9977. <https://doi.org/10.3390/ijms24129977>
- Cortés, A. J., Garzón, L. N., Valencia, J. B., & Madriñán, S. (2018). On the causes of rapid diversification in the páramos: isolation by ecology and genomic divergence in *Espeletia*. *Frontiers in Plant Science*, 9(1700). <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01700>
- Cortés, A. J., & López-Hernández, F. (2021). Harnessing crop wild diversity for climate change adaptation. *Genes*, 12(5), 783. <https://doi.org/10.3390/genes12050783>
- Cortés, A. J., López-Hernández, F., & Blair, M. W. (2022). Genome-environment associations, an innovative tool for studying heritable evolutionary adaptation in orphan crops and wild relatives. *Frontiers in Genetics*, 13, 910386. <https://doi.org/10.3389/fgene.2022.910386>
- Cortés, A. J., López-Hernández, F., & Osorio-Rodriguez, D. (2020). Predicting thermal adaptation by looking into populations’ genomic past. *Frontiers in Genetics*, 11, 564515. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.564515>
- Cortés, A. J., Skeen, P., Blair, M. W., & Chacón-Sánchez, M. I. (2018). Does the genomic landscape of species divergence in *Phaseolus* beans coerce parallel signatures of adaptation and domestication? *Frontiers in Plant Science*, 9, 1816. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01816>
- Doudna, J. A., & Charpentier, E. (2014). Genome editing. The new frontier of genome engineering with CRISPR-Cas9. *Science*, 346(6213), 1258096. <https://doi.org/10.1126/science.1258096>



- Dunemann, F., Krüger, A., Maier, K., & Struckmeyer, S. (2022). Insights from CRISPR/Cas9-mediated gene editing of centromeric histone H3 (CENH3) in carrot (*Daucus carota* subsp. *sativus*). *bioRxiv*, 22(9), 508489. <https://doi.org/10.1101/2022.09.19.508489>
- Guevara-Escudero, M., Osorio, A. N., & Cortés, A. J. (2021). Integrative pre-breeding for biotic resistance in forest trees. *Plants*, 10(10), 2022. <https://doi.org/10.3390/plants10102022>
- Gutaker, R. M., & Purugganan, M. D. (2023). Adaptation and the Geographic Spread of Crop Species. *Annual Review of Plant Biology*, 75, 679-706. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-060223-030954>
- Holme, I. B., Gregersen, P. L., & Brinch-Pedersen, H. (2019). Induced genetic variation in crop plants by random or targeted mutagenesis: convergence and differences. *Frontiers in Plant Science*, 10, 1468. <https://doi.org/10.3389/fpls.2019.01468>
- Iorizzo, M., Ellison, S., Senalik, D., Zeng, P., Satapoomin, P., Huang, J., Bowman, M., Iovene, M., Sanseverino, W., Cavagnaro, P., Yildiz, M., Macko-Podgorni, A., Moranska, E., Grzebelus, E., Grzebelus, D., Ashrafi, H., Zheng, Z., Cheng, S., Spooner, D., Van Deynze, A., & Simon, P. (2016). A high-quality carrot genome assembly provides new insights into carotenoid accumulation and asterid genome evolution. *Nature Genetics*, 48(6), 657-666. <https://doi.org/10.1038/ng.3565>
- Iorizzo, M., Senalik, D. A., Ellison, S. L., Grzebelus, D., Cavagnaro, P. F., Allender, C., Brunet, J., Spooner, D. M., Van Deynze, A., & Simon, P. W. (2013). Genetic structure and domestication of carrot (*Daucus carota* subsp. *sativus*) (Apiaceae). *American Journal of Botany*, 100(5), 930-938. <https://doi.org/10.3732/ajb.1300055>
- Joly-Lopez, Z., Flowers, J. M., & Purugganan, M. D. (2016). Developing maps of fitness consequences for plant genomes. *Current Opinion in Plant Biology*, 30, 101-107. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2016.02.008>
- Klimek-Chodacka, M., Oleszkiewicz, T., Lowder, L. G., Qi, Y., & Baranski, R. (2018). Efficient CRISPR/Cas9-based genome editing in carrot cells. *Plant Cell Reports*, 37(4), 575-586. <https://doi.org/10.1007/s00299-018-2252-2>
- López-Hernández, F., Burbano-Erazo, E., León-Pacheco, R. I., Cordero-Cordero, C. C., Villanueva-Mejía, D. F., Tofiño-Rivera, A. P., & Cortés, A. J. (2023). Multi-Environment genome-wide association studies of yield traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) × tepary bean (*P. acutifolius* A. Gray) interspecific advanced lines in humid and dry colombian caribbean subregions. *Agronomy*, 13(5), 1396. <https://doi.org/10.3390/agronomy13051396>
- Magnussen, L. S., & Hauser, T. P. (2007). Hybrids between cultivated and wild carrots in natural populations in Denmark. *Heredity (Edinb)*, 99(2), 185-192. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800982>
- Meyer, C. M., Goldman, I. L., Grzebelus, E., & Krysan, P. J. (2022). Efficient production of transgene-free, gene-edited carrot plants via protoplast transformation. *Plant Cell Reports*, 41(4), 947-960. <https://doi.org/10.1007/s00299-022-02830-9>
- Meyer, R. S., & Purugganan, M. D. (2013). Evolution of crop species: genetics of domestication and diversification. *Nature Reviews Genetics*, 14(12), 840-852. <https://doi.org/10.1038/nrg3605>

- Nicotra, A. B., Atkin, O. K., Bonser, S. P., Davidson, A. M., Finnegan, E. J., Mathesius, U., Poot, P., Purugganan, M. D., Richards, C. L., Valladares, F., & van Kleunen, M. (2010). Plant phenotypic plasticity in a changing climate. *Trends in Plant Science*, 15(12), 684-692. <https://doi.org/10.1016/j.tplants.2010.09.008>
- Purugganan, M. D. (2022). What is domestication? *Trends in Ecology & Evolution*, 37(8), 663-671. <https://doi.org/10.1016/j.tree.2022.04.006>
- Purugganan, M. D., & Fuller, D. Q. (2009). The nature of selection during plant domestication. *Nature*, 457(7231), 843-848. <https://doi.org/10.1038/nature07895>
- Que, F., Hou, X. L., Wang, G. L., Xu, Z. S., Tan, G. F., Li, T., Wang, Y. H., Khadr, A., & Xiong, A. S. (2019). Advances in research on the carrot, an important root vegetable in the Apiaceae family. *Horticulture Research*, 6, 69. <https://doi.org/10.1038/s41438-019-0150-6>
- Reyes-Herrera, P. H., Muñoz-Baena, L., Velásquez-Zapata, V., Patiño, L., Delgado-Paz, O. A., Díaz-Diez, C. A., Navas-Arboleda, A. A., & Cortés, A. J. (2020). Inheritance of rootstock effects in avocado (*Persea americana* Mill.) cv. Hass. *Frontiers in Plant Science*, 11, 555071. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.555071>
- Selvakumar, R., Patel, V., Singh, B. K., & Kalia, P. (2023). Carrot: breeding and genomics. *Vegetable Science*, 50(Special), 221-230. <https://doi.org/10.61180/vegsci.2023.v50.spl.08>
- Stein, M., & Nothnagel, T. (2006). Some remarks on carrot breeding (*Daucus carota sativus* Hoffm.). *Plant Breeding*, 114(1), 1-11. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.1995.tb00750.x>



Foto: Paola Andrea Hormaza Martínez



CAROTA
360°

Modelo integral para el desarrollo de
la cadena de valor de zanahoria en el
Oriente departamento de Antioquia