CARACTERIZACIÓN ISOENZIMÁTICA DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE COLECTAS DE CHILE (*Capsicum annuum* L. y *Capsicum chinense* Jacq.)

T. Corona-Torres[1]; A. García-Velázquez[1]; F. Castillo-González[1]; V. Montero-Tavera[2]; H. S. Azpiroz-Rivero[2]

[1]Programa de Genética, Instituo de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados. Montecillo, México. C.P. 56230.
[2]Instituto Nacional de Investigaciones Forestales y Agropecuarias (INIFAP) Chapingo, México. C.P. 56230.

RESUMEN

Se estudiaron 22 colectas y cinco cruzas de chile de la República Mexicana, con el propósito de determinar su diversidad genética: para ello se usó electroforesis en gel de almidón. Se logró la resolución de 13 loci, encontrándose monomórficos (un solo alelo) y polimórficos con uno o varios alelos predominantes. La variación en el número promedio de alelos por locus fue de 1.4 a 1.8. La variación en el promedio de los loci polimórficos (PLP) fue baja (47%), intermedia (57.6%) o alta (66%). De igual manera, la heterocigosis varió de 43 a 62%. Por medio de la matriz de distancias genéticas se encontraron las relaciones entre 22 colectas y las cinco cruzas con base en los 13 loci. Además con la matriz resultante se construyó el diagrama de árbol, el cual permitió separar de acuerdo a su similaridad en cuatro grupos a diferentes colectas de chile.

PALABRAS CLAVE: Electroforesis, enzimas, polimórficos, variabilidad, similaridades.

ISOENZYMATIC CHARACTERIZATION OF THE GENETIC DIVERSITY OF PEPPERS COLLECTIONS (*Capsicum annuum* L. and *Capsicum chinense* Jacq.)

SUMMARY

In this research 22 collections and five crosses of Mexico's peppers were studied, with the purpose of determining their genetic diversity, for this it was used starch gel electrophoresis. Monomorphics (only one allele) and polimorphics with one or several predominant alleles were obtained. The variation of alleles number for locus were 1.4 a 1.8. The variation of the polimorphic loci (PLP) was low (47%), intermediate (57.6%) or high (66%). Moreover, the heterozygosis was low (43%), to high (62%). The genetics distance matrix was used for finding the relationships between 22 collections and five crosses with base in 13 loci. Moreover, with the resulting matrix we constructed the tree diagram for separating in four groups according to similarities.

KEY WORDS: Electrophoresis, enzyme, polimorphics, variability, similarities.

INTRODUCCIÓN

Las especies cultivadas de *Capsicum* (familia Solanaceae) son originarias de Centro y Sudamérica. Estas especies incluyen a *C. annuum, C. frutescens, C. baccatum, C. pubescens y C. chinense*. Desde el punto de vista agrícola la especie más importante es *C. annuum,* la cual es originaria de México y contiene tanto chiles de frutos grandes, como chiles de frutos pequeños y picosos. Esta especie ha llegado a ser el chile de mayor importancia a nivel mundial, en parte porque fue el primero de los chiles descubierto e introducido a Europa por Colón y posteriormente introducido al resto del mundo (Long-Solís, 1986).

Las especies de *Capsicum* hasta ahora estudiadas son diploides, cuyo número cromosómico es de 2n=2x=24, excepto dos especies encontradas en Sudamérica; *C. ciliatum* y la otra aún no identificada (Lanteri, 1991).

Las relaciones evolutivas entre y dentro de las especies han sido investigadas en varios estudios, usando marcadores morfológicos, citogenéticos y moleculares (McLeod *et al*., 1983; Loaiza-Figueroa, 1985; Loaiza-Figueroa *et al*., 1989; Conicella *et al*.,1990; Prince *et al*., 1992; Lefebvre *et al*., 1993; Chávez, 1999). Estos estudios demostraron que el nivel de variación entre los chiles domesticados es menor que entre los chiles silvestres. Los estudios de la variación genética se han basado

Recibido: 28 de abril de 1999.
Aceptado: 26 de enero de 2000.

principalmente en características morfológicas fácilmente distiguibles, tales como el tamaño y la forma de los chiles (Pickersgill *et al*., 1979). En algunos casos se conoce con un mismo nombre a un grupo de variedades o tipos de chile, cuyas características de fruto son similares; otras veces un mismo tipo de chile recibe nombres diferentes, de acuerdo con la región (Muñoz-Flores y Pinto-Cortés, 1966).

En la actualidad existen diversas técnicas que han demostrado su eficacia en estudios de caracterización y diversidad genética, entre ellas están los marcadores bioquímicos, especialmente las isoenzimas (Jensen *et al*., 1979; McLeod *et al*., 1983; Loaiza-Figueroa *et al*., 1989). El análisis con isoenzimas es una poderosa técnica con numerosas aplicaciones en el estudio de genética de poblaciones en plantas superiores (Micales y Bonde, 1995). Esta ha sido adoptada de forma rutinaria para resolver disputas taxonómicas, identificación de cultivos desconocidos y colectas de germoplasma, confirmación de híbridos, rastreo de segmentos cromosómicos extraños, análisis de variabilidad genética, trazar la dispersión de una especie en particular, seguir la segregación de loci genéticos y determinar el nivel de ploidía (Asiedu *et al*., 1990; Micales y Bonde, 1995). Por lo anterior se puede decir que la identificación de las variedades y de colectas de germoplasma a través del análisis isoenzimático ofrece mayor precisión, que al utilizar sólo caracteres morfológicos.

Una gran ventaja de la caracterización isoenzimática, comparada con los datos de características morfológicas, es debido a que las isoenzimas son productos primarios de los genes y éstas tienen menores efectos ambientales. Además, como la expresión de las enzimas es codominante; es decir, permite identificar tanto los genotipos homocigotes como los heterocigotes. Las isoenzimas están libres de asociaciones deletéreas o efectos epistáticos-pleiotrópicos, los cuales caracterizan a los marcadores morfológicos (Asiedu, 1992). También puede ensayarse una gran cantidad de loci enzimáticos, usando cantidades muy pequeñas de material biológico, en los que se estimará la constitución genética. Con el uso de esta técnica se han hecho trabajos en especies cultivadas, tales como: maíz, cebada, tomate, trigo, triticale, avena, arroz, eucaliptos, coníferas, petunia, alfalfa, soya, col, apio, papa, tabaco, calabaza, mirasol, fresa, árboles frutales y chiles (Tanksley y Orton, 1983).

Se han comparado diferentes tipos de marcadores respecto a su capacidad para medir la variación, entre ellos están las isoenzimas vs RFLP y los RFLP vs RAPD, en donde se han encontrado patrones similares de relaciones (Prince *et al*., 1992; 1995). Sin embargo, Paran *et al*. (1998) en su estudio encontraron que al usar los AFLP y RAPD no detectaron relaciones idénticas en los diferentes cultivares. Chávez (1999) al usar isoenzimas concuerda con este último autor, en que los patrones de relaciones no son idénticos.

En *Capsicum*, McLeod *et al*. (1982) utilizaron varios tipos de isoenzimas y de acuerdo con sus resultados sugieren que una mayor porción del género *Capsicum* surge de la parte central del sur de Bolivia, con una subsecuente migración hacia los Andes y a las tierras bajas del Amazonas. Posteriormente, McLeod *et al*. (1983) utilizando 15 tipos de isoenzimas en 275 colectas, que representan a 12 taxa de chiles, observaron que cada población presentaba una o más subpoblaciones homógeneas y de que además algunos de los taxa presentaban un alto porcentaje de loci polimórficos. Además, con sus resultados apoyan la hipótesis de varios progenitores silvestres para los domesticados y al menos tres centros de domesticación. También se ha detectado una relación entre la variación morfológica y la variación isoenzimática, lo cual permite establecer la distribución geográfica de la variación en las diferentes especies. En México está pobremente estudiada la distribución geográfica de la variación, tanto en *C. annuum* como en *C. chinense*, esto ha limitado su aprovechamiento en los programas de mejoramiento y como fuente genética, a pesar de que México se ha distinguido como uno de los países con mayor diversidad genética en chile. Con estas bases, en el presente trabajo se planteó como objetivo caracterizar la diversidad genética de diferentes colectas de *C. annuum* y *C. chinense,* provenientes de varios estados de la República Mexicana, con base en el polimorfismo isoenzimático.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material biológico

Se colectaron genotipos en diferentes entidades de la República Mexicana. La muestra en cada uno de los sitios, en campo o de traspatio, consistió preferentemente en los frutos de una sola planta, pero cuando ésta tenía muy pocos frutos la muestra se tomó de varias plantas. La ubicación geográfica de cada uno de los sitios de muestreo se hizo mediante el geoposicionador de navegación o a través de las cartas geográficas del INEGI (Cuadro 1). De los frutos colectados se extrajo la semilla y se sembró bajo condiciones de invernadero en Chapingo y Montecillo, Estado de México, en 1996 y 1997. Se transplantaron dos plantas, de 15 a 20 cm de altura, por maceta (20 plantas por colecta). En forma manual se hicieron cruzamientos; para ello se emascularon flores del progenitor femenino; para la polinización se colocaron las anteras sobre el estigma. Se cubrieron las flores recién polinizadas con papel absorbente húmedo; de tal manera, que formara una cámara húmeda para evitar la deshidratación de los granos de polen y con ello asegurar su germinación.

CUADRO 1. Colectas de *Capsicum annuum* y *Capsicum chinense*[Z], ubicación geográfica y sitio de muestreo.

Clave de Colecta	Sitio de Colecta		Altitud (msnm)	Latitud Norte	Longitud Oeste	Nombre Común
	Localidad	Estado				
CP-043	Napaola	Veracruz	820	19°57'	97°13'	Chiltepin
CP-358	Mtz. de Arriba	Durango	1740	25°03'	105°25'	Piquin
CP-359	Mtz. de Arriba	Durango	1740	25°03'	105°25'	Piquin
CP-361	Alamos	Sonora	410	27°01'	108°56'	Piquin
CP-333	Huapalejcan	Puebla	2035	18°45'	97°50'	Pico de Canoa
CP-120	San Francisco	Veracruz	50	19°22'	96°18'	Bolita
CP-135	Paso Real	Veracruz	44	19°08'	96°38'	Bolita
CP-365	La Antigua	Veracruz	50	19°18'	96°18'	Bolita
CP-364	El Moral	Michoacán	1960	19°12'	101°42'	Bolita
CP-363	Mtz. de Arriba	Durango	1740	25°03'	105°25'	Ancho
CP-264	F. Carrillo Pto.	Quinta Roo	10	19°35'	88°10'	Habanero[Z]
CP-278	Campeche	Campeche	0	19°54'	90°35'	Habanero[Z]
CP-313	H. Cárdenas	Tabasco	23	18°00'	93°27'	Habanero[Z]
CP-336	Celaya	Guanajuato	1754	20°32'	100°49'	Serrano
CP-337	Celaya	Guanajuato	1754	20°32'	100°49'	Serrano
CP-368	La Antigua	Veracruz	50	19°22'	96°18'	Serrano
CP-369	Paso de la milpa	Veracruz	311	19°30'	96°37'	Serrano
CP-372	Actopan	Veracruz	311	19°30'	96°37'	Serrano
CP-335	Tequilita	Nayarit	915	21°31'	104°53'	Cora
CP-376	Urapa	Michoacán	1790	19°12'	101°42'	Árbol
CP-328	San Bernardino	México	2240	19°31'	98°53'	Árbol
CP-374	Urapa	Michoacán	1790	19°12'	101°42'	Árbol
CP-350	Montecillo	México	2240	19°53'	98°53'	Árb (CP374) X Ser (CP368)
CP-351	Montecillo	México	2240	19°53'	98°53'	Piq (CP358) X Ser (CP369)
CP-352	Montecillo	México	2240	19°53'	98°53'	Árb (CP376) X Ancho (CP363)
CP-354	Montecillo	México	2240	19°53'	98°53'	Piq (CP149) X Arb (CP328)
CP-355	Montecillo	México	2240	19°53'	98°53'	Árb (CP328) X Ser (CP372)

La caracterización isoenzimática se llevó a cabo en el Laboratorio de Biotecnología Aplicada del Campo Experimental Valle de Méxcio, INIFAP-UACH

Preparación de las muestras

Cuando las plantas de las diferentes colectas y cruzas llegaron a floración se cortaron las hojas más jóvenes de la parte superior de la planta y se colocaron en bolsas de plástico, las que a su vez se colocaron en hielo. Se tomó 100 mg de tejido foliar y se colocó en un tubo de 1.5 ml de Eppendorf, se agregó el amortiguador de extracción, el cual consistió de Tris-HCl 0.5 M pH 7.5, sacarosa 16%, ácido ascórbico, sal disódica 8%, polivinilpirrolidona (PVP 40) 8%, metasulfito de sodio 0.5% y mercaptoetanol 0.11% en proporción de 1:2 (p:v) (Montero, 1996).

El tejido se maceró con un taladro eléctrico, con punta de teflón. La punta se limpiaba con papel absorbente para evitar contaminación entre muestras. El macerado obtenido se centrifugó a 16 000 x *g* a 0ºC durante 25 a 30 min. De cada tubo se tomaron 3 a 4 alícuotas de 20 µl cada una, las cuales se usaron para correr la electroforesis. Las muestras se almacenaron en ultracongelador a -80 ºC hasta su uso.

Preparación del gel

La electroforesis y el revelado de las isoenzimas fueron realizados de acuerdo con Stuber *et al*. (1988). Se emplearon los geles de almidón de papa hidrolizado al 12% (Sigma Chemical Co.) de los sistemas C y D de diferente pH y formulación química. El buffer del gel C

consistió en 11.87 g·litro^{-1} de ácido bórico 0.19 M, ajustado a pH 8.3 con hidróxido de litio 0.04 M. El buffer del gel D se compuso de 10.08 g·litro^{-1} de L-histidina 0.065 M, se ajustó a pH 6.5 con ácido cítrico. Los dos tipos de geles usados estuvieron bajo diferente voltaje. El gel del sistema C se sometió a un voltaje constante de 175 v por 7 horas, mientras que el gel del sistema D se mantuvo a 250 v por 7.0 a 7.5 horas. En cada corrida se colocaron, en cada extremo, dos tirillas de papel con azul de bromofenol como marcador, para observar el movimiento del frente del buffer. Una vez que el colorante llegó hasta el extremo opuesto al origen se suspendió la corrida.

Los sistemas enzimáticos analizados y los tipos de geles se muestran en el Cuadro 2.

CUADRO 2. Sistemas enzimáticos analizados y tipos de gel utilizados en diferentes colectas y cruzas de chile.

Sistema Enzimático	Código Enzimático	Abreviatura	Tipo de gel
Catalasa	E.C.1.11.1.6	Cat	C
Endopeptidasa	E.C.3.4.23.6	Enp	C
Glutamato-oxalacetato -transaminasa	E.C.2.6.1.1	Got	C
Malato deshidrogenasa	E.C.1.1.1.37	Mdh	D
Enzima málica	E.C.1.1.1.40	Me	D
Ácido shikímico	E.C.1.1.1.25	Sad	D
6-Fosfogluconato-deshidrogenasa	E.C.1.1.1.44	6-Pgd	D

Los sistemas enzimáticos que se presentan en el Cuadro 2 fueron los que mostraron mayor resolución durante el revelado, mientras que con la esterasa (Est), glutamato deshidrogenasa (Gdh), fosfoglucomutasa (Pgm) y fosfohexosa isomerasa (Phi) la resolución fue deficiente.

El revelado de los sistemas se llevó a cabo siguiendo la metodología de Stuber *et al*. (1988). El proceso de revelado se inició al agregar el substrato de la enzima de interés a una lámina del gel, colocado en una charola de plástico de 20 x 12 cm. El gel se incubó a 36°C. Las charolas permanecieron en movimiento constante, en un agitador de balanceo, para asegurar que el substrato cubriera perfectamente al gel. Cuando las bandas fueron evidentes y nítidas en todo el gel, se retiraron de la solución y se lavaron con agua corriente. El tiempo de revelado varió de acuerdo con el sistema enzimático, desde 15 minutos hasta 18 horas. Para detener la reacción enzimática y fijar las bandas reveladas se agregó al gel una solución fijadora: metanol: agua: ácido acético glacial (5:5:1, v:v), por 10 horas; después se lavaron con agua corriente. Posteriormente, los geles se trataron con glicerol 10% (v:v) por 12 horas.

La conservación (deshidratado de los geles) se llevó a cabo de acuerdo a la técnica de Montero (1996). De los geles con los zimogramas montados en papel celofán, se midió la distancia al origen (cm) para cada una de las bandas de las muestras, se dividieron entre la distancia del testigo, proporcionando así la movilidad relativa para cada una de las bandas.

Después se hizo el conteo del número de bandas y se determinaron los genotipos, con base en éstos se calcularon las frecuencias alélicas de acuerdo con Molina (1992). La interpretación genética se realizó de acuerdo con la localización y comportamiento del loci, el número de alelos y patrones de bandas, considerando la estructura cuaternaria de cada enzima. Para la estimación de la variabilidad genética se utilizó el paquete estadístico BIOSYS-1 V. 1.7 (Swofford y Selander, 1989), con el cual se analizaron estadísticamente los resultados y se interpretó la información genética detectada en los zimogramas. Se estimaron el número promedio de alelos por locus, porcentaje de loci polimórficos, heterocigosidad observada y esperada, la identidad y distancias genéticas de Nei (1978) entre las diferentes colectas. A partir de las distancias genéticas se construyó el dendograma mediante un análisis de conglomerados de agrupación jerárquica de ligamiento promedio no ponderado (UPGMA).

Una vez generadas las frecuencias alélicas se procedió a realizar una clasificación por tipos de chile, para ello se usaron los promedios de las frecuencias alélicas por tipo. Con las frecuencias alélicas de cada tipo se calcularon las distacias genéticas, a partir de las cuales se construyó el dendograma mediante ligamiento promedio no ponderado (UPGMA) utilizando el paquete estadístico NTSYS-pc V. 1.8 (Rohlf, 1993).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Número de loci y alelos resueltos

En cada una de las 22 colectas y cinco cruzas de chile analizadas se ensayaron siete sistemas enzimáticos, resolviéndose un total de 13 loci. Los alelos polimórficos de los zimogramas se encuentran representados en la Figura 1, donde se observan las movilidades relativas obtenidas con respecto al testigo, línea de maíz Misouri 17 (Mo-17).

En los sistemas enzimáticos (Cat, Enp y Got) se identificó un solo locus; Me, 6-Pgd y Sad mostraron dos loci y sólo en la Mdh se identificaron cuatro loci (Figura 1). El número mínimo de alelos por locus fue de uno para la Mdh-4 y el máximo fue para la Me-2 que presenta cuatro alelos por locus. Estos resultados sobre el número de loci y alelos coinciden con lo encontrado por Chávez (1999), para los mismos sistemas enzimáticos, excepto en la Me, ya que sólo reporta un locus con dos alelos, mientras que

McLeod *et al*. (1983), reportaron un locus para Me con tres alelos. Loaiza-Figueroa *et al*. (1989) difieren en sus resultados con este estudio en la 6-Pgd y Sad, ya que ellos encontraron en 6-Pgd tres loci con cuatro alelos cada uno y para Sad reportaron un locus con cinco alelos. Las diferencias encontradas se deben posiblemente al mayor número de colectas y sitios geográficos analizados en su estudio.

Frecuencias alélicas

Con las frecuencias alélicas obtenidas para cada locus (Cuadro 3), fue posible diferenciar tres grupos de loci en todas las colectas y las cruzas:

1. Loci monomórfico, con un solo alelo. Sólo se tuvo a la Mdh-4A que representa el 7.6% del total.

2. Loci polimórficos, en donde un alelo es predominante con una frecuencia mayor o igual a 0.90. Sólo la muestra la Mdh-2A.

3. Loci polimórficos, con más de un alelo frecuente. Dentro de este grupo se tiene al resto de los loci analizados (84.8%): Cat, Enp, Got, Me-1, Me-2, Mdh-1, Mdh-3, Pgd-1 Pgd-2, Sad-1 y Sad-2.

Como puede observarse, la mayoría de loci en todas las colectas son muy variables, lo cual se esperaba por la amplia diversidad de lugares de origen y tipos de chile estudiados.

Número promedio de alelos por locus

El número promedio de alelos por locus varió de 1.4 hasta 1.8 (Cuadro 4). Se encontró que cuando hay un mayor número de alelos por locus el porcentaje de loci polimórficos también es mayor. En este caso se encontró que cuando el número de alelos por locus es de 1.8 el porcentaje de loci polimórficos va de 69.2 a 84.6, mientras que cuando se tiene un promedio de alelos por locus de 1.4 el porcentaje de polimorfismo es de 38.5.

Porcentaje de loci polimórficos

En este caso se tomó como criterio de polimorfismo a aquel locus cuya frecuencia del alelo más común es igual o menor a 0.95 (Ayala y Kiger, 1984). El porcentaje de loci polimórficos más bajo fue de 38.5 (Cuadro 4) y se encontró en las colectas CP363, chile Ancho de Durango; CP365, chile Bolita de Veracruz y en la CP336, chile Serrano de Guanajuato. El valor más alto (84.6) se encontró en la colecta CP376, chile de Árbol de Michoacán. La amplia variación en los valores que toma este estimador reflejan la diversidad de tipos y origenes de las colectas estudiadas.

De acuerdo al porcentaje de loci polimórficos (PLP) por tipo (Cuadro 5) se encontraron tres clases: de baja variabilidad, que incluyen los tipos Ancho, Cora, Serrano y Piquín (38.5, 46.2, 53.9 y 51.3% de loci polimórficos, respectivamente); de mediana variabilidad, donde se encuentran las cruzas con promedio de 57.6%; y de alta variabilidad, que incluye los tipos Árbol, Bolita y Habanero con promedios de 66.6, 61.5 y 69.2%, respectivamente. Es notorio en este caso que los habaneros presentan un PLP igual en sus tres colectas, donde la idea es de que *C. chinense* posee variabilidad genética alta y distribuída de manera uniforme. Por otro lado, las cruzas se hicieron entre tipos que quedaron clasificados de alta variabilidad con tipos de baja variabilidad, el resultado en F_1 los colocó como de variabilidad mediana o intermedia.

Heterocigosidad observada y esperada

La heterocigosidad observada tuvo un valor promedio de 0.54, siendo sus valores extremos de 0.369 para la colecta CP363 de chile Ancho de Durango y de 0.808 para la colecta CP376 de chile de Árbol de Michoacán, las mismas colectas en donde se observaron los valores extremos para el número de alelos por locus (Cuadro 4). De la misma forma, el promedio de los valores de la heterocigosidad esperada para todas las colectas fue de 0.290, encontrándose los valores extremos para las mismas colectas antes mencionadas que presentaron 0.201 y 0.435, respectivamente. Los valores de heterocigosidad observada (Ho) tienen el mismo comportamiento que los PLP, ya que dividen a las colectas en los mismos grupos de variabilidad baja, intermedia y alta (Cuadro 5). El valor promedio de Ho más bajo lo tienen aquellos tipos de chiles que presentan la variabilidad baja; mientras que el valor promedio de Ho más alto lo presentan los tipos de chile de Árbol, Bolita y Habanero.

CUADRO 5. Promedios de porcentaje de loci polimórficos (PLP), variabilidad y heterocigosidad observada (Ho) en tipos de chile.

Tipo de chile	Promedio PLP	Variabilidad	Promedio de Ho
Ancho	38.5		
Cora	46.2	BAJA	0.43
Serrano	53.9		
Piquín	51.3		
Cruzas[z]	**57.6**	**INTERMEDIA**	**0.51**
Árbol	66.6		
Bolita	61.5	ALTA	0.62
Habanero	69.2		

[z] Árb(CP374 x Ser (CP368); Piq (CP358) x Ser (CP369); Árb(CP376) x Ancho(CP363); Piq(CP149) x Árb(CP328); Árb(CP328) x Ser(CP372).

Distancias genéticas

El método con el cual se estimaron las distancias genéticas entre las diferentes colectas permitió determinar

el patrón de las relaciones existentes entre las colectas estudiadas. Los resultados obtenidos de este análisis dieron origen a la matriz de distancias genéticas, cuyos valores muestran las relaciones existentes entre todas las colectas analizadas en este estudio. Se observó que la mayor distancia se cuantificó entre las colectas CP313 y CP365 (0.821) y la de menor distancia se determinó entre las colectas CP358 y CP351, CP350 y CP374, CP359 y CP336, y finalmente entre la CP043 y CP333, cuya distancia es menor de 0.0001. Con base en las distancias genéticas se elaboró un dendograma (Figura 2), donde se representan esquemáticamente los agrupamientos de las 22 colectas y cinco cruzas de chile, de acuerdo a su grado de similitud o diferenciación en las frecuencias alélicas de los 13 loci considerados.

En el diagrama de árbol (Figura 2) fue posible separar cuatro grupos a una distancia de 0.20, que describen la variabilidad de las 22 colectas y las cinco cruzas de los diferentes tipos de chile. Los grupos I y II contienen a la mayoría de las colectas 15 y 7, respectivamente; los grupos III y IV tienen 2 y 3 colectas cada uno. El grupo I está constituido por 15 colectas de diferentes tipos de chile, que provienen principalmente de los estados de Durango, Michoacán, Veracruz y Puebla. En la Figura 2 se observa que dentro de este grupo hay varias colectas con la mayor similitud en sus frecuencias alélicas. La colecta CP358 de chile Piquín de Durango presentó una distancia genética de 0.0001 con la colecta CP351; esto debido a que la colecta CP351 es el producto de la cruza donde interviene la CP358 como uno de sus progenitores. Dentro de este grupo hay subgrupos con colectas que presentan una gran similaridad, como es el caso del subgrupo formado por las siguientes colectas: CP352 (árbol x ancho), CP354 (piquín x árbol) y la CP355 (árbol x serrano), cruzas cuyos progenitores también se encuentran dentro del mismo grupo.

El grupo II (Figura 2) está formado por 7 colectas de diferentes tipos de chile y cuyas procedencias son Durango, Guanajuato, Edo. de México, Veracruz y Nayarit. En este grupo se encuentran dos piquines, uno del estado de Durango y el otro de Sonora, los cuales difieren de aquellos que se encuentran en el grupo I en que ambos piquines del grupo II presentan una alta frecuencia del alelo B de la enzima Mdh-1, mientras que los del grupo I no lo presentan, pero en cambio presentan sólo el alelo A (Cuadro 3).

El grupo III está formado con dos colectas de chile Bolita (CP135 y CP365), provenientes de Veracruz y cuya distancia genética es de 0.003. Comparten seis loci monomórficos (Enp-a , Mdh1-a, Mdh2-a, Mdh3-a, Mdh4-a y Sad2-a) (Cuadro 3), se localizan a altitudes de 44 y 50 m y latitudes de 19° 54’ y 18°, respectivamente. Los chiles Bolita que se encuentran separados de las colectas de Michoacán y de Veracruz que se ubican en el grupo I, difieren sólo en que las colectas CP135 y CP365 no presentan las enzimas Pgd-1 y Pgd-2. Esto posiblemente se deba a que el número de colectas es muy pequeño.

El grupo IV está formado por las colectas de chile Habanero (*Capsicum chinense* Jacq).

Presenta dos colectas más estrechamente relacionadas (CP278 de Campeche, CP313 de Tabasco), cuya distancia genética es de 0.003, comparten 4 loci monomórficos (EnpB, MdhB, Mdh4A, y Sad1A) (Cuadro 3) y se localizan en altitudes de 0 y 23 m y latitudes de 19° 54’ y 18°, respectivamente.

Existen evidencias sobre el agrupamiento de los tipos de chile parecidos y el tamaño del fruto; es decir, que aperentemente existe un patrón de agrupamiento que tiende a juntar a los tipos de chile de fruto pequeño (0.5 a 3 cm), tipos de fruto mediano (3.1 a 6 cm) y los de tipo grande (6.1 a 11 cm). Para corroborar esta observación se midieron 30 frutos de cada tipo y los resultados se pusieron en el dendograma de la Figura 2, junto a la colecta correspondiente. Así se observa cómo las colectas CP358 y CP351 forman un primer grupo, siendo ambas de fruto mediano, al igual que las colectas CP359, CP336 y CP328, y las colectas CP335 y CP368; lo mismo sucede con las colectas CP135 y CP365 de fruto pequeño, y las colectas CP264, CP278 y CP313 que pertenecen a los habaneros.

Los resultados descritos permiten especular acerca de la gran importancia del tamaño de fruto en el fucionamiento metabólico de la planta; el tamaño tiene un determinante genético, que permite distinguir los diferentes tipos de chiles. La importancia evolutiva del fruto es obvia según se desprende de los trabajos de Chávez (1999); Lipperi *et al*. (1966); Varalakshmi y Babu (1991), dando como resultado que una parte importante de las vías metabólicas de la planta se dirijan a la sobrevivencia de la especie, representada por la posible progenie que se encuentra en las semillas del fruto.

Paran *et al*. (1998) encontraron resultados semejantes a éstos en *Capsicum annuum* usando RAPD y AFLP, lo cual demuestra el valor que poseen las isoenzimas como descriptores varietales. El análisis de las colectas se llevó a cabo también por tipos de chile, en el Cuadro 6 se muestra la matriz de distancias genéticas entre los diferentes tipos de chile, estimadas con base en las frecuencias alélicas de los 13 loci, resueltos de acuerdo al procedimiento propuesto por Nei (1978). Las distancias genéticas fluctúan desde 0.051 para los tipos de chile Piquín y Árbol; cuya procedencia es de Durango, Puebla, Sonora, Veracruz y para el Piquín y Árbol de Michoacán y Estado de México. La distancia genética más alta fue de 0.421, para los tipo de chile Habanero y las diferentes cruzas. En general, los chiles habaneros presentan las mayores distancias genéticas con respecto a los demás tipos.

La matriz de distancias genéticas por tipo de chile sirvió como base para construir el dendograma de la Figura 3, donde se representa el agrupamiento con base en la similaridad genética de los diferentes tipos de chile. En el

dendograma de la Figura 3 es posible separar dos grupos a una distancia genética de 0.24. El grupo I se formó con los tipos de chile pertenecientes a la especie de *Capsicum annuum* L. Este grupo presenta tres subgrupos. El primero de ellos está formado por los tipos Piquin, Árbol y Bolita que presentan gran similaridad genética, lo que indica que entre ellos son muy parecidas las frecuencias alélicas en todos los loci. En el segundo se encuentran las cruzas como un subgrupo intermedio, debido a que para la formación de estas intervinieron tanto tipos del subgrupo I como del subgrupo III. Este último subgrupo está formado por los tipos de chile Serrano, Cora y Ancho, los cuales presentan una mayor disimilitud entre ellos.

El grupo II lo forma el tipo Habanero, el cual presenta la mayor distancia genética con el grupo I, esto debido a que sus frecuencias alélicas son muy diferentes, lo cual confirma que pertenece a otra especie.

CUADRO 6. Distancias genéticas (Nei, 1978), de los tipos de chile.

Piquín	Bolita	Ancho	Habanero	Serrano	Cora	Árbol	cruzas[z]
Piquín	0.000						
Bolita	0.056	0.000					
Ancho	0.205	0.167	0.000				
Habanero	0.349	0.389	0.378	0.000			
Serrano	0.069	0.117	0.216	0.294	0.000		
Cora	0.180	0.230	0.338	0.342	0.062	0.000	
Arbol	0.051	0.087	0.234	0.277	0.075	0.188	0.000
Cruzas	0.102	0.110	0.166	0.421	0.137	0.293	0.094

[z] Árb (CP374 x Ser (CP368); Piq (CP358) x Ser (CP369); Árb (CP376) x Ancho (CP363); Piq (CP149) x Árb (CP328); Árb (CP328) x Ser (CP372).

CONCLUSIONES

La diversidad genética de *Capsicum annuum* y *C. chinense* medida por isoenzimas es alta, considerando que se trata de especies predominantemente autógamas. La separación entre las dos especies es evidente.

El análisis de agrupamiento mostró una relación en la formación de los grupos con base en el tamaño de fruto.

Hubo una amplia distribución de la heterocigosidad entre colectas, variando desde 43 hasta 62%.

Las cruzas tuvieron un comportamiento intermedio entre sus progenitores en cuanto a las medidas de variabilidad genéticas utilizadas.

Capsicum chinense presentó mayor distancia genética que *C. annuum.*

LITERATURA CITADA

ASIEDU, R. 1992. Isozyme analysis and its application in plant breeding. pp. 261-265. *In*: Biotecnology: Enhancing Research on Tropical Crops in Africa. G. Thottappilly, L.M. Monti, D. R. Nohan Raj and A.W. Moore (eds.). Technical Centre for Agricultural and Rural Cooperation (CTA), International Institute of Tropical Agriculture (IITA), co-publication. IITA, Ibadan, Nigeria.

ASIEDU, R.; FISHER, J. M.; DRISCOLL, C. J. 1990. Resistance to *Heterodera avenae* in the rye genome of triticale. Theor. Appl. Genet. 49: 97-108.

AYALA, F.J.; KIGER J. A. 1984. Genética moderna.Traducción de Ernesto Bautista y Ernesto Pachón. Fondo Educativo Interamericano. Ed. Omega, S. A. Barcelona, España. 836 p.

CHÁVEZ-SERVIA, J. L. 1999. Diversidad morfológica e isoenzimática del chile manzano (*Capsicum pubescens* R. y P.) en México. Tesis doctorado. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Edo. de México. 140 p

CONICELLA, C.; ERRICO, A.; SACCARDO, F. 1990. Cytogenetic and isozyme studies of wild and cultivated *Capsicum annuum*. Genome 33: 279-282.

HORTON, H.R.; MORAN, A.L.; OCHS, R.S.; RAWN, J.D.; SCRIMGEOUR, K.G. 1995. Bioquímica. Traduc. María del Consuelo Hidalgo y Mondragón. Edit. Prentice-Hall Hispanoamericana, S.A., D.F., México. 600 p.

JENSEN, J. R.; MCLEOD, M. J.; ESHBAUGH, W. H. 1979. Numerical taxonomy analyses of allozymic variation in *Capsicum* (Solanaceae). Taxon 28(4): 315-327.

LANTERI, S. 1991. Lack of a karyotype class and skewed chromosome segregation in two backcross progenies of *Capsicum*. J. Genet. & Breed. 45: 51-58.

LEFEBVRE, V.; PALLOIX, A.; RIVES, M. 1993. Nuclear RFLP between pepper cultivars (*Capsicum annuum* L.). Euphytica 71: 189-199.

LEFEBVRE, V.; PALLOIX, A.; CARANTA, C.; POCHARD, E. 1995. Construction of an intra-specific integrated linkage map of pepper using molecular markers and doubled-haploid progenies. Genome 38: 112-121.

LIPPERI, L.F.; SMITH, P.G.; BERGH, B.O. 1966. Cytogenetics of the vegetable crops garden pepper, *Capsicum* sp. Bot. Review 32: 24-55.

LOAIZA-FIGUEROA, F. 1985. Evolution of the genus *Capsicum* (Solanaceae) in México. M. Sc. Thesis, New México State University, New Mexico, USA.127 p.

LOAIZA-FIGUEROA, F.; RITLAND, K.; LABORDE-CANCINO, J.A.; TANKSLEY, S.D. 1989. Patterns of genetic of the genus *Capsicum* (Solanaceae) in México. Plant. Syst. Evol. 165: 159-188.

LONG-SOLÍS, J. 1986. *Capsicum* y Cultura. La Historia del chilli. Fondo de Cultura Económica, D.F, México. 181 p.

MCLEOD, M.J.; GUTTMAN, S.I.; ESHBAUGH, H.W. 1982. Early evolution of chili peppers (*Capsicum*). Econ. Bot. 36(4): 361-368.

MCLEOD, M.J.; GUTTMAN, S.I.; ESHBAUGH, H.W.; RAYLE, R.E. 1983. An electrophoretic study of evolution in *Capsicum* (Solanaceae). Evolution 37(3): 562-574.

MICALES, J.A.; BONDE, M.R. 1995. Isozymes: Methods and Applications, pp 115-130. *In:* Molecular Methods in Plant Pathology. Rudra P. Singh and Uma S. Singh. Lewis (eds). Publishers CRC. USA.

MOLINA-GALÁN, .J. D. 1992. Introducción a la genética de poblaciones y cuantitativa. Algunas implicaciones en genotecnia. AGT Editor, S.A. D. F., México. 349 p.

MONTERO-TAVERA, V. 1996. "Evaluación por electroforesis de Isoenzimas de la diversidad genética de los híbridos dobles de

maíz H-28 y H-30. Tesis Profesional Universidad Nacional Autónoma de México. Escuela Nacional de Estudios Profesionales Iztacala. 59 p.

MUÑOZ-FLORES, I.; PINTO-CORTÉS, B. 1966. Taxonomía y distribución geográfica de los chiles cultivados en México. Folleto misceláneo Num.15 Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas, Secretaría de Agrícultura y Ganadería. D. F., México. 23 p.

NEI, M. 1978. Estimation of average heterozygosity and genetic distance from small number of individuals. Genetics 89: 583-590.

PARAN, I.; AFTERGOOT, E.; SHIFRISS, C. 1998. Variation in *Capsicum annuum* revealed by RAPD and AFLP markers. Euphytica 99: 167-173.

PICKERSGILL, B.; HEISER, B.C.; MCNEIL, J. 1979. Numerical taxonomic studies on variation and domestication in some species of *Capcicum*, pp. 679-700. *In*: The Biology and Taxonomy of the Solanaceae. J. G. Hawkes, R. N. Lester and A. D. Skelding (eds.). Academic Press, London.

PRINCE, J.P.; POCHARD, E.; TANKSLEY, S.D. 1992. Restriction fragment length polymorphism and genetic distance among Mexican accessions of pepper. Genome 35: 726-732.

PRINCE, J.P.; LACKNEY, V.K.; ANGELES, C.; BLAUTH, J.R.; KYLE, M.M. 1995. A survey of DNA polymorphism within the genus *Capsicum* and the fingerprinting of pepper cultivars. Genome 38: 224-231.

ROHLF, J.F. 1993. NTSYS-pc. Numerical Taxonomy and Multivariate Analysis System V. 1.80. Department of Ecology and Evolution State University of New York. Stony Brook, New York, USA. 131 p.

STUBER, C.W.; WENDEL, J.F.; GOODMAN, M.M.; SMITH, J.S.C. 1988. Techniques and scoring procedures for starch gel electrophoresis of enzymes from maize (*Zea mays* L.). Technical Bulletin 286. North Carolina. Agricultural Research Service, NCSU, Raleigh, North Carolina, USA. pp 1-87.

SWOFFORD, D.L.; SELANDER R.B. 1989. BIOSYS-1. A computer program for the analysis of allelic variation in genetics. Users Manual. Department of Genetics and Development. University of Illinois. Urbana, Illinois. USA. 43 p.

TANKSLEY, S.D.; ORTON, T.J. 1983. Isozymes in Plant Genetics and Breeding. Part A. Elsevier Science Publ. Co., Amsterdam, Netherlands. 516 p.

VARALAKSHMI, B.; BABU, H.K. 1991. Genetic divergence, heretability and genetic advance in chilli (*Capsicum annuum* L.). Indian J. Genet. 51(2): 174-178.

CUADRO 3. Frecuencias alélicas observadas en 13 loci enzimáticos, para cada una de las colectas y cruzas de chile.

Locus-Alelo	CP363Ancho	CP372 Serrano	CP358 Piquín	CP350 Árb x Ser	CP351 Piq x Ser	CP352 Árb x Ancho	CP354 Piq x Árb	CP355 Árb x Ser	CP374 Árbol	CP364 Bolita	CP359 Piquín	CP043 Piquín	CP361 Piquín	CP333 Piquín
Cat-a	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.50	0.00	0.50	0.00	0.00	0.50	0.50	0.50
Cat-b	1.00	1.00	1.00	0.50	1.00	1.00	0.50	1.00	0.50	1.00	1.00	0.50	0.50	0.50
Enp-a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00	1.00	0.50	1.00	1.00	1.00	1.00
Enp-b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00
Got-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Got-b	0.50	0.10	0.50	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00
Got-c	0.00	0.40	0.00	0.50	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.50	0.50	0.50
Me1-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Me1-b	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Me2-a	1.00	0.50	1.00	0.50	1.00	1.00	1.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Me2-b	0.00	0.50	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.50
Me2-c	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Me2-d	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00
Mdh1-a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.00	1.00	0.00	1.00
Mdh1-b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	0.00	1.00	0.00
Mdh2-a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.95	0.95	0.90	1.00	1.00
Mdh2-b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.05	0.10	0.00	0.00
Mdh3-a	1.00	0.50	1.00	0.50	1.00	0.60	0.55	0.60	0.50	0.50	1.00	0.55	1.00	0.80
Mdh3-b	0.00	0.50	0.00	0.50	0.00	0.40	0.45	0.40	0.50	0.50	0.00	0.45	0.00	0.20
Mdh4-a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Pgd1-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	1.00	0.50	0.50	0.50
Pgd1-b	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.50	0.50	0.50
Pgd2-a	0.40	0.65	0.50	0.50	0.45	0.10	0.00	0.50	0.50	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00
Pgd2-b	0.60	0.35	0.50	0.50	0.55	0.90	1.00	0.50	0.50	0.50	1.00	1.00	1.00	1.00
Sad1-a	0.50	0.50	0.45	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Sad1-b	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Sad1-c	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Sad2-a	1.00	0.00	0.50	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.50	0.50	0.50	1.00	0.50
Sad2-b	0.00	0.00	0.50	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.50	0.50	0.50	0.00	0.50

CUADRO3. Continuación

Locus-Alelo	CP264 Habanero	CP278 Habanero	CP313 Haba-nero	CP120 Bolita	CP135 Bolita	CP365 Bolita	CP376 Árbol	CP328 Árbol	CP336 Se-rrano	CP337 Serra-no	CP368 Serrano	CP369 Se-rrano	CP335 Cora
Cat-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Cat-b	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Enp-a	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00	0.50	1.00	1.00	1.00	1.00	0.50	1.00
Enp-b	1.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00
Got-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Got-b	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00	0.50	0.50	0.40	0.10	0.10	0.50
Got-c	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.50	0.00	0.00	0.10	0.40	0.40	0.00
Me1-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Me1-b	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Me2-a	0.00	0.00	0.10	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Me2-b	0.50	0.50	0.50	0.45	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Me2-c	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Me2-d	0.50	0.50	0.40	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Mdh1-a	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	0.00
Mdh1-b	1.00	1.00	1.00	0.00	0.00	0.00	0.00	1.00	1.00	1.00	1.00	0.00	1.00
Mdh2-a	0.50	0.50	0.50	0.90	1.00	1.00	0.75	0.95	1.00	1.00	1.00	0.50	1.00
Mdh2-b	0.50	0.50	0.50	0.10	0.00	0.00	0.25	0.05	0.00	0.00	0.00	0.50	0.00
Mdh3-a	0.50	0.50	0.50	0.90	1.00	1.00	0.50	1.00	1.00	1.00	1.00	0.85	1.00
Mdh3-b	0.50	0.50	0.50	0.10	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.00	0.00	0.15	0.00
Mdh4-a	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00	1.00
Pgd1-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.00	0.50	1.00	1.00	0.25	0.25	0.50	0.50
Pgd1-b	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.75	0.75	0.50	0.50
Pgd2-a	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.00	0.50	0.00	0.00	0.65	1.00	0.40	1.00
Pgd2-b	0.50	0.50	0.50	0.50	0.00	0.00	0.50	1.00	1.00	0.35	0.00	0.60	0.00
Sad1-a	0.50	1.00	1.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.45	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Sad1-b	0.50	0.00	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.55	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Sad1-c	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00
Sad2-a	1.00	0.50	0.50	1.00	1.00	1.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50
Sad2-b	0.00	0.50	0.50	0.00	0.00	0.00	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50	0.50

CUADRO 4. Medidas de variabilidad genética en 22 colectas y cinco cruzas de *Capsicum annuum* y *C. chinense.*

Colecta Tipo	Número de alelos por locus	Porcentaje de loci polimórficos[z]	Heterocigosidad media	
			Observada	esperada
CP363 Ancho	1.4	38.5	0.369	0.201
CP372 Serrano	1.6	53.8	0.515	0.286
CP358 Piquín	1.5	46.2	0.462	0.247
CP350 Árb x Ser	1.6	61.5	0.615	0.324
CP351 Piq x Ser	1.5	46.2	0.454	0.243
CP352 Árb x Ancho	1.5	53.8	0.446	0.256
CP354 Piq x Árb	1.5	53.8	0.531	0.283
CP355 Árb x Ser	1.6	61.5	0.600	0.322
CP374 Árbol	1.6	61.5	0.615	0.324
CP364 Bolita	1.8	76.9	0.700	0.372
CP359 Piquín	1.5	46.2	0.392	0.210
CP043 Piquín	1.7	69.2	0.623	0.33
CP361 Piquín	1.5	46.2	0.462	0.243
CP333 Piquín	1.6	61.5	0.569	0.309
CP264 Habanero	1.7	69.2	0.692	0.364
CP278 Habanero	1.7	69.2	0.692	0.364
CP313 Habanero	1.8	69.2	0.692	0.371
CP120 Bolita	1.8	69.2	0.569	0.316
CP135 Bolita	1.4	38.5	0.385	0.202
CP365 Bolita	1.4	38.5	0.385	0.202
CP376 Árbol	1.8	84.6	0.808	0.435
CP328 Árbol	1.5	53.8	0.462	0.250
CP336 Serrano	1.4	38.5	0.385	0.202
CP337 Serrano	1.6	53.8	0.477	0.276
CP368 Serrano	1.5	46.2	0.423	0.239
CP369 Serrano	1.8	76.9	0.700	0.390
CP335 Cora	1.5	46.2	0.462	0.243
Promedio	1.59	56.97	0.54	0.29

[z] Un locus es considerado polimórfico si la frecuencia del alelo más común no excede el 0.95%.

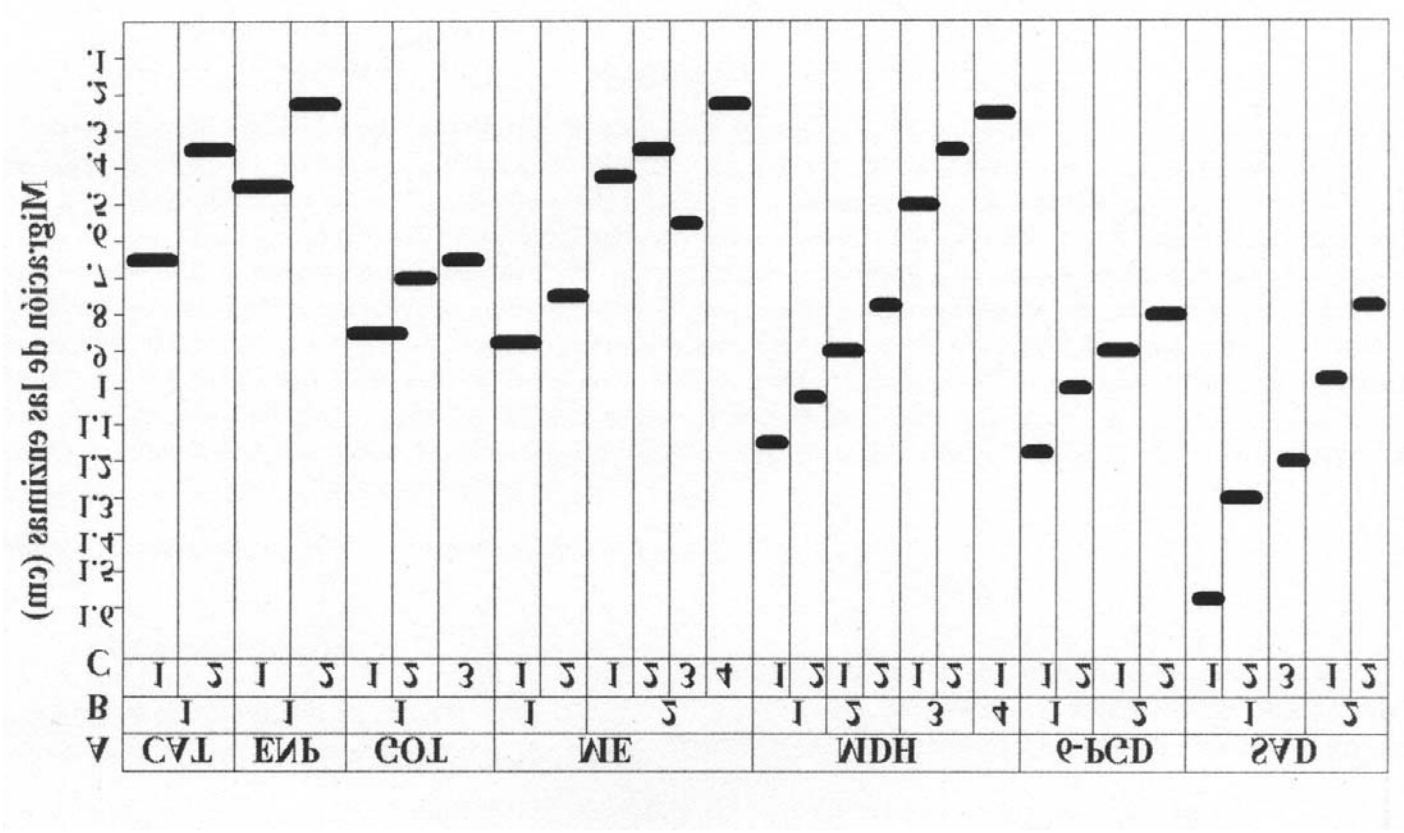


Figura 1. Representación de los zimogramas de los sistemas enzimáticos analizados en función de la movilidad relativa promedio de las bandas polimórficas en colectas de chile. A: Enzima; B: Locus; C: Alelos.

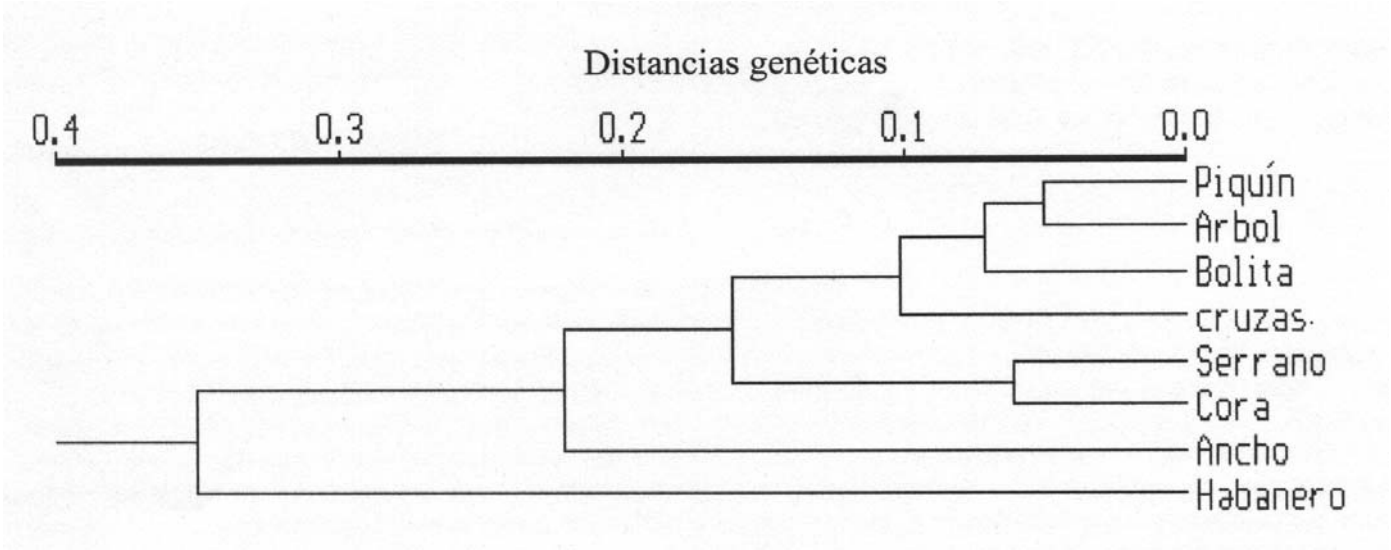
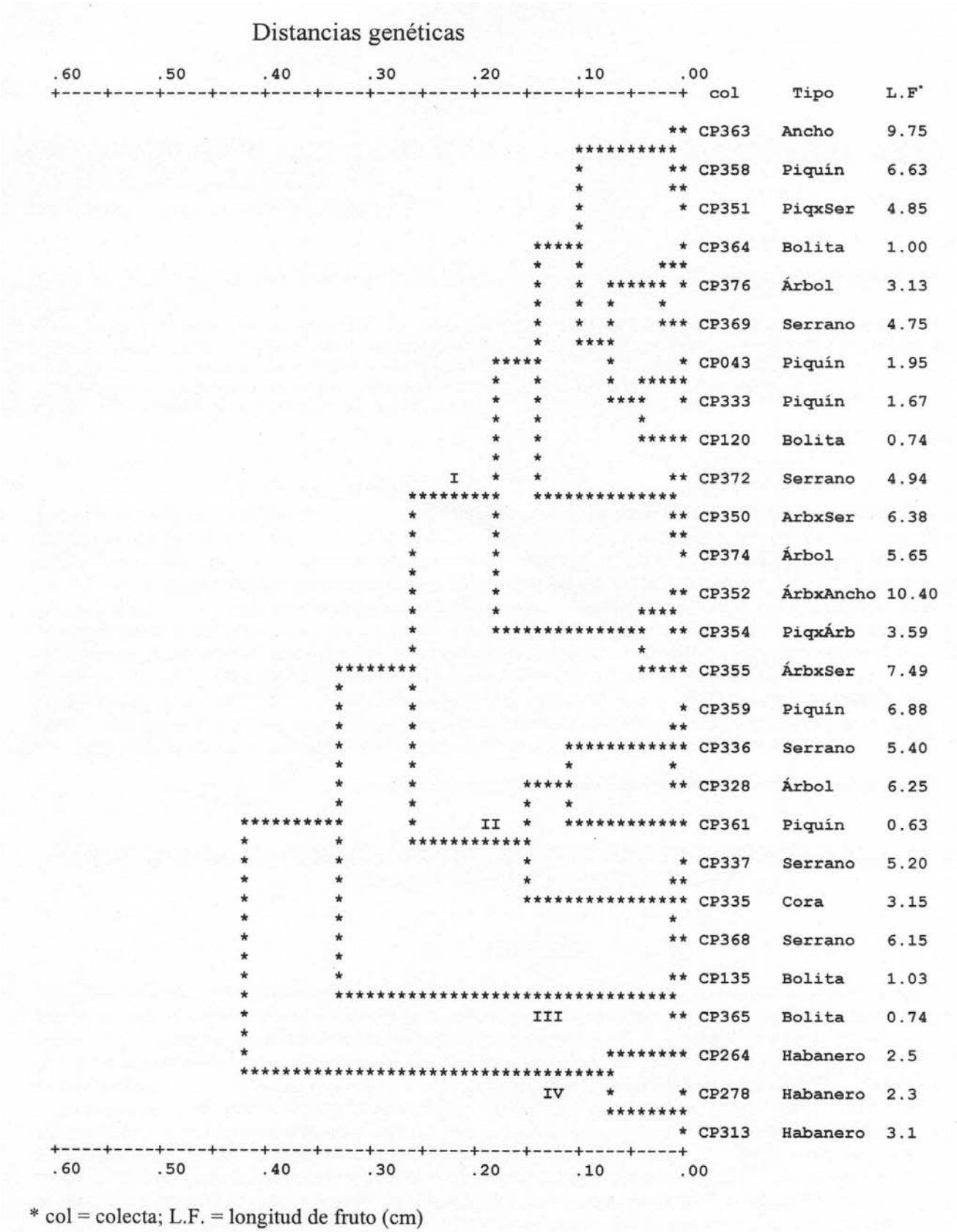


Figura 3. Dendograma de las distancias genéticas de diferentes tipos y cruzas de chile.



* col = colecta; L.F. = longitud de fruto (cm)

Figura 2. Agrupamiento de 22 colectas y cinco cruzas de *Capsicum* con base en las distancias genéticas de Nei (1978), estimadas a partir de la frecuencias alélicas de 13 loci empleando el método de ligamiento promedio no ponderado (UPGMA).