



SIMILITUD DE POBLACIONES DE CHILE SILVESTRES Y CRIOLLAS DE TABASCO Y CHIAPAS, MÉXICO

Dr. Guillermo Castañón Nájera, Dra. Yasmín Araceli Gálvez Muñoz², C. Dr. José Abisenas Álvarez Rivera¹

Introducción

En México, el chile posee amplia distribución, su importancia es cultural, social, económica, se exporta y el consumo per cápita es de 8 a 9 kg (Castellón-Martínez *et al.*, 2012).

Objetivo

El presente trabajo se realizó para determinar la diversidad de 21 poblaciones silvestres y criollas de *C. annum* L. y *C. frutescens* L. de los estados de Tabasco y Chiapas, México, mediante caracteres morfológicos y moleculares.

Materiales y Métodos

Para la caracterización morfológica se evaluó *in situ* 21 poblaciones de *C. annum* L. y *C. frutescens* L., a cada población se le midió las variables: **Forma y Diámetro de Tallo, Altura de planta, Color y Forma de la hoja, Forma y Longitud del Fruto, y Número de semillas por fruto** (IPGRI-AVRDC-CATIE, 1995). La caracterización molecular se realizó en las mismas 21 poblaciones, éstas se sembraron en charolas de poliestireno en el invernadero de la División Académica de Ciencias Biológicas (DACBIOL). A los 40 días después de la germinación se seleccionaron 10 plántulas por población y de ellas se cortaron hojas jóvenes. De éstas se tomó tres repeticiones de 0.5 g de tejido fresco. Cada muestra se trituró con nitrógeno líquido en un mortero con pistilo de porcelana. La extracción del ADN se realizó con el kit comercial Wizard Genomic DNA Purification® (Promega), y el método de Dellaporta *et al.* (1983). Se usaron los oligos: **HpmsCaSIG19, Hpms1-106, Hpms1-143, y Hpms1-274.**

Caracterización morfológica: Se realizó un análisis cluster con las 21 poblaciones de *Capsicum* spp., para ello se usó la matriz de distancias por el Método de Agrupamiento de Pares no Ponderados con Medias Aritméticas (UPGMA), la altura de corte para formar los clusters se determinó con el criterio cúbico de agrupamiento (CCC), la pseudo estadística T² de Hotelling (PST²) y la pseudo F de Johnson (PSF). Los datos se estandarizaron con media 0 y varianza 1. El análisis cluster se realizó con el paquete estadístico SAS versión 9.0 (2004).

Caracterización molecular: Las distancias genéticas entre poblaciones se estimaron en base a una matriz de presencia (1) y ausencia (0) de un alelo en un locus. La similitud genética se determinó con el coeficiente de Dice (Nei y Li, 1979), y con ella se generó un dendograma con el método UPGMA (Método de Agrupamiento de Pares no Ponderados con Medias Aritméticas) y 5000 permutaciones mediante los programas FreeTree y TreeView (Page, 1996).

Resultados

El dendograma de las poblaciones con datos morfológicos se muestra en la Figura 1. Los parámetros para formar los clusters fueron a 0.96 de distancia, el criterio cúbico de agrupamiento (CCC) de 3.19, la pseudoestadística T² de Hotelling (PST²) fue 10.8 y la pseudo F (PSF) de Johnson de 21.3.

Las 21 poblaciones evaluadas se agruparon en ocho clusters. El mayor número de poblaciones (siete), formaron el cluster 4 y las características FT, DT, CH, FH, FF y NSF fueron las que determinaron el agrupamiento de las poblaciones en este cluster.

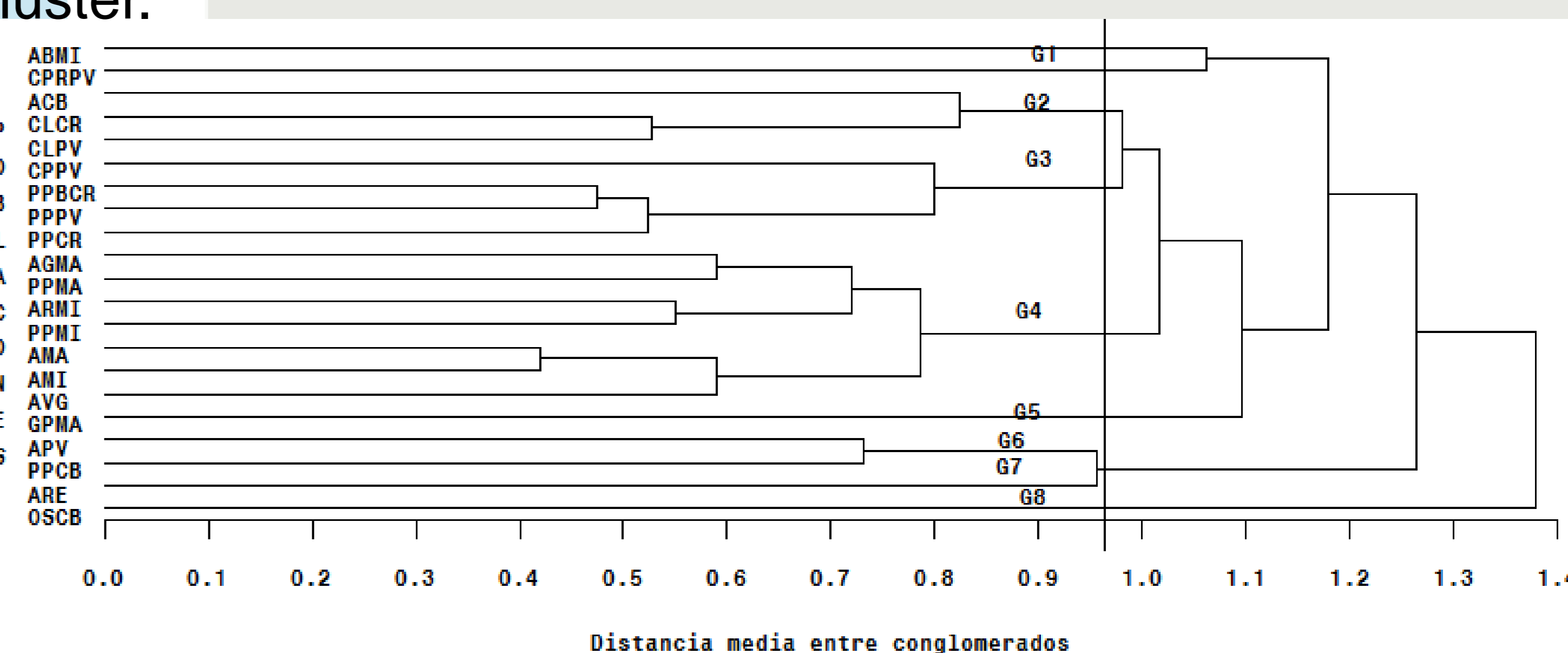


Figura 1. Dendograma de 21 poblaciones silvestres y criollas de *Capsicum annum* L. y *Capsicum frutescens* L., de los estados de Tabasco y Chiapas, México.

El dendograma de las relaciones genéticas entre las poblaciones evaluadas con datos moleculares se definió por cuatro clusters (Figura 2).

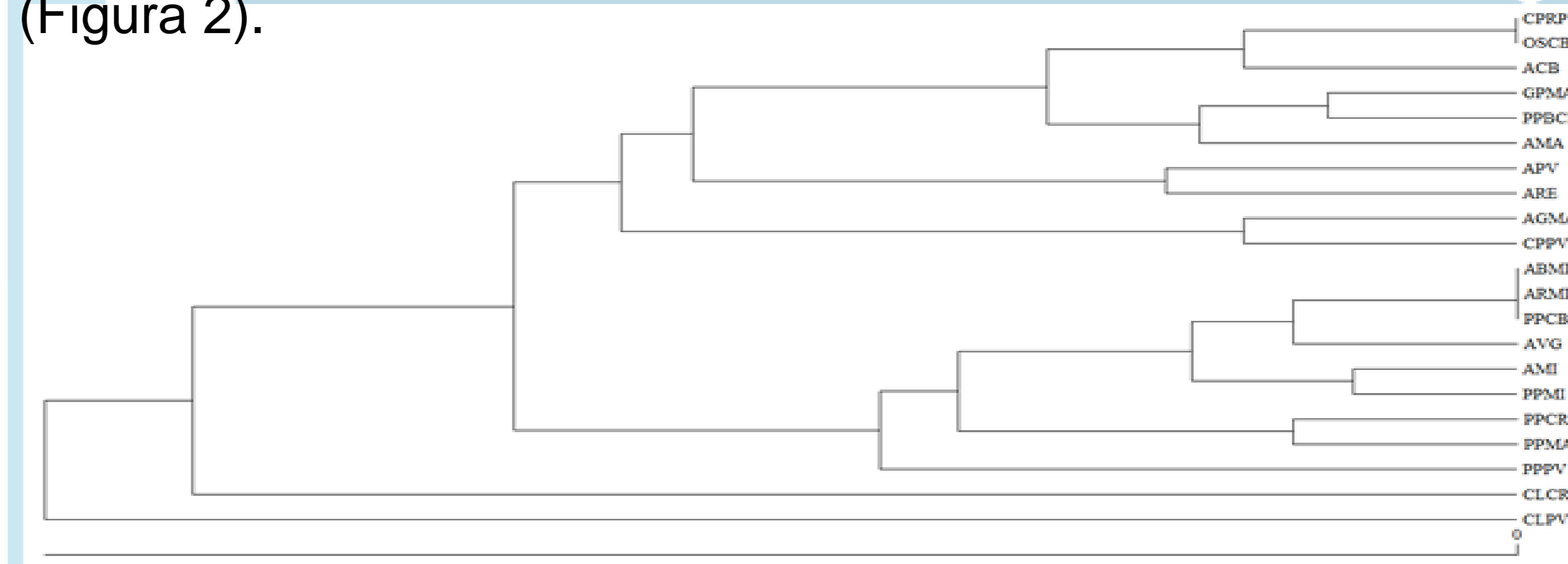


Figura 2. Dendograma de la relación genética de 21 poblaciones silvestres y criollas de *Capsicum annum* L. y *Capsicum frutescens* de los estados de Tabasco y Chiapas, México.

Dos de los cuatro clusters formados con datos moleculares, agruparon 10 y 9 poblaciones cada uno de ellos.

Conclusiones

Se encontró cierta similitud en el agrupamiento de las poblaciones en base a caracteres morfológicos y moleculares. La poca similitud en el agrupamiento, es posible que se deba a que fueron sólo ocho variables las medidas *in situ* en las poblaciones. Y es posible que las condiciones edáficas, climáticas, y edad de las plantas de cada población pudo incidir para que se observará alto nivel de diferenciación morfológica. Lo más conveniente sería analizar juntos datos morfológicos y moleculares de las poblaciones que se evalúan.

Referencias bibliográficas

- Castellón-Martínez, E., Chávez-Servia, J.L., Carrillo-Rodríguez, J.C., Vera-Guzmán, A.M. (2012) *Revista fitotecnia mexicana*. 35(5): 27-35.
- Dellaporta, S.L., Wood, J. and Hicks. J.B. (1983) versión II. *Reportero de biología molecular de plantas*. 1 (4): 19-21.
- IPGRI-AVRDC-CATIE. (1995) *Turrialba, Costa Rica*. 48p.
- Nei, M., and Li, W.H. (1979) *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 76(10): 5269-5273.
- Page, R.D.M. (1996) TREEVIEW: *Computer Applications in Biosciences*, 12, 357-358.
- SAS Institute (2004). *Statistics. Version 9.0*. North Carolina, USA. 1032 p.