



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

PROGRAMA DE RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

**DIVERSIDAD MORFOLÓGICA, GENÉTICA Y BIOQUÍMICA
DE POBLACIONES NATIVAS DE CHILES ANCHOS DE
MÉXICO**

ROCÍO TOLEDO AGUILAR

T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE:

DOCTORA EN CIENCIAS

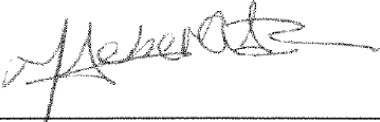
Montecillo, Texcoco, Estado de México


Mayo 2015


La presente tesis titulada: **Diversidad morfológica, genética y bioquímica de poblaciones nativas de chiles anchos de México**, realizada por la alumna: **Rocío Toledo Aguilar**, bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

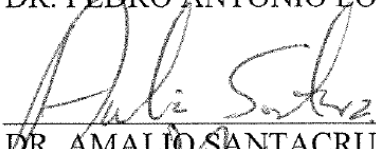
DOCTORA EN CIENCIAS
RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD
GENÉTICA

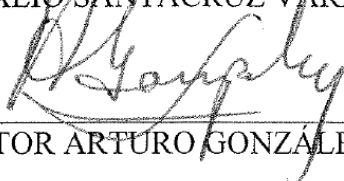
CONSEJO PARTICULAR


CONSEJERO: 
DR. VÍCTOR HEBER AGUILAR RINCÓN

DIRECTOR DE TESIS: 
DR. HIGINIO LÓPEZ SÁNCHEZ

ASESOR: 
DR. PEDRO ANTONIO LÓPEZ

ASESOR: 
DR. AMALIO SANTACRUZ VARELA

ASESOR: 
DR. VÍCTOR ARTURO GONZÁLEZ HERNÁNDEZ

ASESOR: 
DR. HUMBERTO VAQUERA HUERTA

Montecillo, Texcoco, Estado de México, 29 de mayo de 2015.

DIVERSIDAD MORFOLÓGICA, GENÉTICA Y BIOQUÍMICA DE POBLACIONES NATIVAS DE CHILES ANCHOS DE MÉXICO

Rocío Toledo Aguilar, Dra.

Colegio de Postgraduados, 2015

Los chiles anchos son de los morfotipos del género *Capsicum* más importantes de México, se siembran en al menos nueve estados del país y generan ingresos económicos significativos; además, forman parte de la comida tradicional mexicana, que es conocida mundialmente. La diversidad de los subtipos de chiles anchos se ha estudiado de manera aislada con diferentes técnicas de caracterización; sin embargo, ninguna de estas investigaciones muestra la amplia variación de los chiles tipo ancho. El objetivo de la presente investigación fue analizar la diversidad genética de seis subtipos de chiles anchos colectados en siete estados de México, utilizando marcadores morfológicos, microsatélites y metabolitos secundarios. En la primera etapa se caracterizó la diversidad fenotípica de 88 poblaciones evaluadas en dos localidades, en un diseño experimental de Bloques Completos al Azar con dos repeticiones. Con el registro de 82 descriptores morfológicos se realizó un análisis de varianza, correlaciones de Pearson, análisis de componentes principales (ACP) y de conglomerados. Producto del análisis morfológico se obtuvo una colección central que fue la base para realizar estudios moleculares y bioquímicos. En la segunda fase se cuantificó el contenido de flavonoides, capsaicinoides, color extraíble, ácidos grasos y carotenoides en frutos secos de 35 poblaciones de chiles anchos y dos híbridos. Mediante la cuantificación de los metabolitos secundarios se obtuvo un ACP y de conglomerados para conocer si existen relaciones de similitud de acuerdo a los tipos de chiles o estados de origen. En la tercera etapa se analizaron 44 poblaciones utilizando 24 loci de SSR para obtener parámetros de diversidad genética, así como la estructura y relación genética de las poblaciones mediante un análisis de agrupamiento y ACP. En los tres estudios se encontró amplia diversidad genética; los descriptores morfológicos de fruto aportan mayor variación a las poblaciones de chiles anchos; y la diferenciación morfológica se efectuó de acuerdo con el tipo de maduración del fruto (rojo, café, negro) y separó a los mulatos de Puebla y huacle de Oaxaca del resto de materiales colectados en el norte del país. En el análisis bioquímico, la diferenciación se efectuó con base en el tipo de chile ancho; además, se identificaron tres poblaciones con potencial comercial por su alto contenido de color extraíble y poco picor. Con el estudio molecular se lograron separar las poblaciones con base en los sitios de colecta (sur, centro y norte de México); también se encontró que la variación genética es más abundante dentro de las poblaciones y se identificaron alelos exclusivos y alelos comunes. Estos tres análisis generaron información valiosa acerca de la diversidad genética de los seis tipos de chiles anchos nativos de México, y en función de ello es posible determinar la vía más adecuada de mejoramiento genético para el aprovechamiento de este recurso fitogenético.

Palabras clave: *C. annuum* L., descriptores morfológicos, marcadores SSR, metabolitos secundarios, recursos fitogenéticos.

BIOCHEMICAL, GENETICAL AND MORPHOLOGICAL DIVERSITY OF NATIVE ANCHO CHILE POPULATIONS OF MEXICO

Rocio Toledo Aguilar, Dr.

Colegio de Postgraduados, 2015

The ancho chiles are one of the most important morphotypes of the *Capsicum* genus of Mexico, seeded in at least nine states generating significant economic income; they also form part of traditional Mexican cuisine, which is known worldwide. The diversity of ancho chile subtypes has been studied with different characterization techniques but not as group; as a consequence, none of these researches show the wide variation of ancho chiles. The objective of this study was to analyze the genetic diversity of six subtypes of ancho chiles collected in seven states of Mexico, using morphological markers, microsatellites and secondary metabolites. In the first stage the phenotypic diversity of 88 populations evaluated in two localities was characterized in an experimental design of randomized complete blocks with two replications. With the registration of 82 morphological descriptors an analysis of variance, Person correlations, principal component analysis (PCA) and cluster analysis were done. Product of morphological analysis a core collection was obtained which was the basis for molecular and biochemical studies. In the second phase the content of flavonoids, capsaicinoids, extractable color, fatty acids and carotenoids in dried fruits of 35 ancho chile populations and two hybrids was quantified. By quantifying secondary metabolites an ACP and cluster analysis was obtained to determine whether there are relationships of similarity according to the types of chilies or states of origin. In the third stage 44 populations using 24 SSR loci were analyzed to obtain genetic diversity parameters, as well as the genetic structure and relationship of the populations by ACP and cluster analysis. In all three studies a wide genetic diversity was found; fruit morphological descriptors provide greater variation to ancho chile populations; and the morphological differentiation is made according to the type of fruit ripening (red, brown and black) and separated the mulatto chiles of Puebla and huacle chiles of Oaxaca from the rest of the collected materials in northern Mexico. In the biochemical analysis, differentiation was made based in the type of ancho chile; moreover, three populations with commercial potential were identified by their high content of extractable color and mild spiciness. With the molecular study we were able to separate populations based on the collection sites (southern, central and northern Mexico); it was also found that the genetic variation is more abundant within populations and unique alleles and common alleles were identified. These three analyses generated valuable information on the genetic diversity of six types of native ancho chiles of Mexico, and based on that it is possible to determine the most appropriate way of genetic improvement for the harnessing of this plant genetic resource.

Key words: *C. annum* L., morphological descriptors, SSR markers, secondary metabolites, plant genetic resources.

AGRADECIMIENTOS

Al **Colegio de Postgraduados Campus Montecillo**, en especial al postgrado de Genética.

Al **Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)**, por el apoyo económico otorgado durante mis estudios de doctorado.

Al **Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI)**, por financiar la presente investigación en sus tres etapas: morfológica, bioquímica y molecular.

A la **Fundación Produce Puebla A. C.**, a la **Fundación Prodeuce Zacatecas A. C.** y a la **Fundación Produce Durango A. C.**, por financiar las etapas de caracterización morfológica y molecular.

A mi **Consejo Particular**, por la valiosa orientación, enseñanzas, recomendaciones y sugerencias otorgadas durante mi proceso de formación; y por las revisiones a la presente tesis y a los artículos derivados de esta investigación.

A la **Red Nacional de Chile de México** del Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos, por proporcionar la semilla para este estudio.

A la **Bióloga Luz María Olivares**, por el enorme apoyo brindado durante el registro de los datos morfológicos. Agradezco también a la **Dra. Ernestina Valdez Moctezuma** por brindarme un espacio en el laboratorio de biología molecular de la Universidad Autónoma Chapingo para culminar la caracterización genética con microsatélites. Asimismo, agradezco al **Dr. Marcos Soto Hernández**, a la **Dra. Mariana Palma Tenango** y a la **Dra. María del Carmen Mendoza Castillo** del Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, por el apoyo en la cuantificación de flavonoides.

Quiero agradecer al **Dr. Paul W. Bosland**, por las facilidades otorgadas para realizar mi estancia en The Chile Pepper Institute de New Mexico State University, Las Cruces, al igual que al **Dr. Omar Holguin**, por su asesoría en la cuantificación bioquímica y por el apoyo otorgado durante mi estancia en su laboratorio, a la **M.Sc. Li Jiang**, **M.Sc. Barry Dungan** y **Luz Hernandez**, por apoyarme en la cuantificación de capsaicinoides, color extraíble, ácidos grasos y carotenoides.

Al **Ing. Javier Chávez Ávila** y al **Ing. Virgilio Morales Lara**, por las facilidades otorgadas para el otorgamiento del financiamiento por parte de las Fundaciones Produce y por su apoyo durante la realización de la caracterización morfológica en Zacatecas y Durango, respectivamente.

A mis amigos del Colegio de Postgraduados, Universidad Autónoma Chapingo y New Mexico State University, Las Cruces.

DEDICATORIA

A mi pequeño hijo Ángel Rodrigo, te doy gracias por elegirme como tu mamá y permitirme conocer nuevas emociones y sentimientos; y a César del Ángel, por tu amor, apoyo y orientación en esta etapa doctoral; y por ayudarme a construir un hogar para nuestra familia.

A mi madre Elicena y a mi padre José Ángel, porque me han conducido por el camino del bien, me han enseñado valores, han apoyado mis decisiones y me han dado mucho amor. Muchas gracias mamá y papá, este logro también es suyo.

A mis hermanos: Grisel, José Miguel y Luis Ángel; y a mis sobrinos: Valentín y Samantha, por su cariño y amor; y porque se que siempre estarán para mi en cualquier momento de la vida.

CONTENIDO

	Página
ÍNDICE DE CUADROS.....	xi
ÍNDICE DE FIGURAS.....	xii
ÍNDICE DE CUADROS DE LOS ANEXOS	xiii
I. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
1.1. Planteamiento del problema.....	1
1.2. Origen del chile e importancia de su cultivo en México.....	2
1.3. Diversidad en chile.....	4
1.4. Objetivos	8
1.4.1. Objetivo general	8
1.4.2. Objetivos específicos	8
1.5. Hipótesis.....	9
1.6. Literatura Citada.....	9
II. DIVERSIDAD MORFOLÓGICA DE POBLACIONES NATIVAS DE CHILES ANCHOS DE MÉXICO	16
2.1. Resumen.....	17
2.2. Introducción	17
2.3. Materiales y Métodos	19
2.3.1. Material vegetal.....	19
2.3.2. Producción de plántula, diseño y unidad experimental, y localidades de evaluación	19
2.3.3. Descriptores morfológicos	21
2.3.4. Análisis estadísticos	21
2.4. Resultados y Discusión	23
2.5. Conclusiones	33
2.6. Literatura Citada.....	33
III. DIVERSIDAD BIOQUÍMICA DE CHILES ANCHOS NATIVOS DE MÉXICO	38
3.1. Resumen.....	39
3.2. Introducción	39

3.3. Materiales y Métodos	41
3.3.1. Reactivos químicos	41
3.3.2. Material vegetal.....	42
3.3.3. Producción de fruto y tratamiento postcosecha	42
3.3.4. Extracción y cuantificación de flavonoides totales.....	43
3.3.5. Extracción y cuantificación de capsaicinoides.....	44
3.3.6. Cuantificación de color extraíble	44
3.3.7. Extracción y cuantificación de carotenoides.....	45
3.3.8. Perfil de ácidos grasos.....	45
3.3.9. Análisis estadístico.....	46
3.4. Resultados y Discusión	46
3.4.1. Flavonoides	46
3.4.2. Capsaicinoides.....	48
3.4.3. Color extraíble.....	49
3.4.4. Perfil de ácidos grasos.....	51
3.4.5. Carotenoides.....	52
3.4.6. Relación química entre poblaciones.....	54
3.5. Conclusiones	58
3.6. Literatura Citada.....	59
IV. DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES NATIVAS DE CHILES ANCHOS DE	
MÉXICO MEDIANTE SSR.....	64
4.1. Resumen	65
4.2. Introducción	65
4.3. Materiales y Métodos	67
4.3.1. Material vegetal y extracción de ADN	67
4.3.2. Amplificación de los loci de microsatélites y análisis de fragmentos	69
4.3.3. Análisis estadístico.....	71
4.4. Resultados y Discusión	72
4.4.1. Diversidad genética poblacional	72
4.4.2. Estructura genética de las poblaciones.....	75
4.4.3. Relación genética entre poblaciones	77

4.5. Conclusiones	83
4.6. Literatura Citada.....	83
V. DISCUSIÓN GENERAL.....	89
5.1. Literatura Citada.....	92
VI. CONCLUSIONES GENERALES.....	95
VII. ANEXOS.....	97

ÍNDICE DE CUADROS

	Página
Cuadro 2.1. Descripción de los materiales de chiles anchos y sus testigos utilizados en la evaluación morfológica, realizada en los estados de Zacatecas y Durango en 2011.....	20
Cuadro 2.2. Descriptores morfológicos utilizados en el análisis multivariado de poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	22
Cuadro 2.3. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de las variables evaluadas para caracterizar la diversidad morfológica de chiles anchos nativos de México.....	23
Cuadro 2.4. Promedios de las variables que conforman los primeros cinco componentes principales, para los cinco grupos y tres poblaciones individuales de chiles anchos.....	32
Cuadro 3.1. Material genético utilizado para la caracterización bioquímica.....	43
Cuadro 3.2. Primeros cuatro componentes principales, la variación que explican y las variables que mostraron mayor influencia para cada componente principal.....	54
Cuadro 4.1. Material genético utilizado para la caracterización molecular de poblaciones de chiles anchos nativos de México mediante SSR.....	68
Cuadro 4.2. Descripción de los loci de microsatélites, condiciones de alineamiento de las PCR múltiples e individuales, Contenido de Información Polimórfica (PIC) de los loci y número de alelos en la caracterización molecular de poblaciones de chiles anchos nativos de México.....	70
Cuadro 4.3. Información alélica de los chiles anchos y sus testigos para 24 loci de microsatélites.....	72
Cuadro 4.4. Alelos exclusivos para chiles tipo ancho y testigos.....	74
Cuadro 4.5. Estadísticos F de Wright para los cinco grupos de chiles, cuatro poblaciones y tres híbridos con base en 24 loci de SSR.....	76
Cuadro 4.6. Primeros ocho componentes principales, la variación que explican y los alelos que tienen mayor influencia sobre cada componente.....	78

ÍNDICE DE FIGURAS

	Página
Figura 2.1. Tipos de chile ancho y estados mexicanos donde se colectó la semilla de las poblaciones evaluadas.....	20
Figura 2.2. Dispersión de las poblaciones nativas de chiles anchos de México y dos híbridos, en función de los primeros tres componentes principales.....	28
Figura 2.3. Agrupaciones formadas con las poblaciones nativas de chiles anchos de México y los testigos, mediante la distancia de Gower y el método de agrupamiento de UPGMA.....	30
Figura 3.1. Frutos de chiles anchos maduros utilizados en la caracterización bioquímica.....	43
Figura 3.2. Contenido de flavonoides totales (quercetina en mg kg^{-1}) en materia seca de chiles anchos nativos de México y sus testigos.....	47
Figura 3.3. Contenido total de picor con base en capsaicina y dihidrocapsaicina en chiles anchos nativos de México.....	49
Figura 3.4. Cantidad de color extraíble en las poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	50
Figura 3.5. Composición porcentual del perfil de ácidos grasos en frutos secos de chiles anchos de México.....	52
Figura 3.6. Composición porcentual del contenido de carotenoides en chiles anchos nativos de México.....	53
Figura 3.7. Dispersión de las poblaciones nativas de chiles anchos de México a través de los primeros dos componentes principales.....	55
Figura 3.8. Dendrograma de las poblaciones nativas de chiles anchos de México utilizando distancias euclidianas y el método de agrupamiento UPGMA.....	58
Figura 4.1. Frutos de chiles anchos maduros.....	68
Figura 4.2. Dispersión de las poblaciones de chiles anchos nativos de México y los testigos en función de los primeros dos componentes principales.....	79
Figura 4.3. Filograma de 38 poblaciones de chiles anchos nativos de México y testigos, utilizando la distancia modificada de Rogers y el método de agrupamiento de vecinos cercanos (Neighbor joining).....	81

ÍNDICE DE CUADROS DE LOS ANEXOS

	Página
Cuadro 1A. Datos de 30 descriptores morfológicos empleados en el análisis multivariado de poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	98
Cuadro 2A. Matriz de distancias de Gower generada con variables morfológicas de poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	110
Cuadro 3A. Vectores propios de los primeros cinco componentes principales obtenidos del análisis de 30 variables morfológicas de poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	125
Cuadro 4A. Promedio de los descriptores empleados en la caracterización bioquímica de poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	126
Cuadro 5A. Matriz de distancias Euclidianas generada con descriptores bioquímicos de poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	132
Cuadro 6A. Vectores propios de los primeros cinco componentes principales para poblaciones nativas de chiles anchos de México obtenido con descriptores bioquímicos.....	135
Cuadro 7A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-106</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	136
Cuadro 8A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms2-2</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	138
Cuadro 9A. Frecuencias alélicas para el locus <i>AF039662</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	140
Cuadro 10A. Frecuencias alélicas para el locus <i>CM0005</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	142
Cuadro 11A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-1</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	144
Cuadro 12A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-274</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	146
Cuadro 13A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-62</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	148

Cuadro 14A. Frecuencias alélicas para el locus <i>AF244121</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	150
Cuadro 15A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-148</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	152
Cuadro 16A. Frecuencias alélicas para el locus <i>HpmsCASIG19</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	154
Cuadro 17A. Frecuencias alélicas para el locus <i>CAN010950</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	156
Cuadro 18A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms2-13</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	158
Cuadro 19A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-5</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	160
Cuadro 20A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-168</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	163
Cuadro 21A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-172</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	165
Cuadro 22A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-214</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	167
Cuadro 23A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-6</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	170
Cuadro 24A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-173</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	172
Cuadro 25A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-143</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	174
Cuadro 26A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms1-111</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	176
Cuadro 27A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms2-24</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	178
Cuadro 28A. Frecuencias alélicas para el locus <i>Hpms2-21</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	180

Cuadro 29A. Frecuencias alélicas para el locus <i>CAN130829</i> del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.....	183
Cuadro 30A. Matriz de distancias modificada de Rogers generada con las frecuencias de 220 alelos de microsatélites del análisis de poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	185
Cuadro 31A. Vectores propios de los primeros ocho componentes principales generados con frecuencias alélicas de microsatélites para poblaciones nativas de chiles anchos de México.....	190

I. INTRODUCCIÓN GENERAL

1.1. Planteamiento del problema

Documentar la dimensión de la diversidad en especies con interés para el ser humano o en especies en peligro de extinción es de gran importancia para proponer medidas de conservación, mejoramiento genético y aprovechamiento adecuado de estos valiosos recursos. La caracterización morfológica de los recursos genéticos para analizar la diversidad es de las metodologías más utilizadas, por la simplicidad en su medición, y se basa en el uso de descriptores morfológicos; sin embargo, estas variables son altamente afectadas por el ambiente. La caracterización bioquímica basada en la cuantificación de diversos metabolitos presentes en los chiles, además de contribuir a cuantificar la diversidad existente, también permite identificar materiales con cierto fitoquímico de interés para el mercado y valor nutricional. Por su parte, los marcadores moleculares basados en ADN, específicamente los microsátélites, han sido utilizados en los últimos años en el género *Capsicum* para analizar la diversidad genética; estos marcadores no son afectados por el ambiente, lo que los hace altamente confiables, sin embargo, es una metodología más compleja y cara en comparación con las dos anteriores. Si bien estas metodologías pueden ser empleadas de manera aislada, su uso conjunto aumentará la utilidad y confiabilidad en los resultados.

En México, el cultivo de chiles anchos es de gran relevancia, por los beneficios económicos que genera y por su empleo en la comida tradicional mexicana, que es parte de la identidad nacional del país. Estos tipos de chile, como todos los del género *Capsicum*, presenta para su cultivo diversos problemas fitosanitarios y ambientales que pueden acabar con cosechas enteras; por otra parte, la considerable importación de chiles secos de cerca de 25,000 toneladas anuales, que incluyen los chiles mulatos y anchos rojos, podría ser reducida mediante el uso de variedades nacionales más productivas o de mejor calidad. Aunque en México existen variedades mejoradas de chiles anchos, la gran mayoría de estos materiales son de empresas semilleras privadas (Seminis, Sakata, Western Seed, etc), que además de comercializarse a precios muy elevados, no han solucionado los problemas de producción de estos chiles. Como consecuencia, la mayoría de los productores de chiles anchos siguen utilizando semilla nativa, lo que justifica el estudio de su diversidad y el planteamiento de esquemas para su conservación y aprovechamiento.

A pesar de la importancia de los chiles anchos y de la problemática para su producción, los estudios asociados con su diversidad se han desarrollado de manera local o estatal, y utilizando uno o dos tipos de chiles únicamente, lo que plantea el reto de analizar toda o la mayor cantidad de diversidad existente en todos los tipos considerados como chiles anchos en México, para tener una idea clara de la diversidad genética tanto a nivel fenotípico como a nivel bioquímico y molecular, para el planteamiento de estrategias de conservación, aprovechamiento y protección de variedades.

1.2. Origen del chile e importancia de su cultivo en México

El género *Capsicum* pertenece a la familia Solanaceae, cuyas especies son todas originarias de América; a partir del descubrimiento de este continente se realizó su dispersión por el mundo debido a su alta adaptabilidad y aceptación (Djian-Caporalino *et al.*, 2006). Dentro del género *Capsicum* se han descrito cinco especies domesticadas, *C. annuum* L., *C. frutescens* L., *C. chinense* Jacq., *C. baccatum* L. y *C. pubescens* Ruiz y Paven (Pickersgill, 1989), y 25 especies semidomesticadas y silvestres (McLeod *et al.*, 1982; Hernández-Verdugo *et al.*, 1999), las cuales son diploides, con número de cromosomas básico $2n = 24$ para la mayoría de las especies, mientras que una proporción menor de especies silvestres presenta $2n = 26$ cromosomas (Pozzobon *et al.*, 2006; Moscone *et al.*, 2007).

Bolivia se ha propuesto como el lugar donde se originó el género *Capsicum* (Eshbaugh, 1993), para después dispersarse a otras zonas donde se llevó a cabo la domesticación de las especies de forma independiente (Perry *et al.*, 2007). Evidencias arqueológicas indican que *C. annuum* se domesticó en México (Pickersgill, 2007), país que se considera también como centro de diversidad genética de esta especie (Hernández-Verdugo *et al.*, 1999), ya que en su territorio existen más de 60 diferentes tipos de chiles que pertenecen principalmente a la especie *C. annuum* L. (Aguilar *et al.*, 2010). Esta diversificación se debe en gran parte al alto porcentaje de polinización cruzada (Djian-Caporalino *et al.*, 2006), y a la selección que han realizado los agricultores para satisfacer los diferentes usos en los que actualmente se emplean los chiles en México.

Registros históricos señalan que los chiles eran parte de la dieta de Aztecas y Mayas (Long-Solís, 1986); actualmente, en la gastronomía mexicana se utiliza uno o más tipos de chile para preparar diversos platillos como el mole poblano, mole negro de Oaxaca, adobos, rajas, salsas, chiles en nogada y chiles rellenos, entre otros (Aguilar *et al.*, 2010). Además de los usos culinarios que tiene el chile, también es una fuente rica de vitaminas, antioxidantes, colorantes, y se ha demostrado que puede ayudar en el combate de enfermedades cardiovasculares, diabetes, cáncer y anemia (Bosland y Votava, 2012).

El cultivo de chile en México tiene gran importancia económica, con una producción nacional superior a los 2 millones de toneladas. Dentro de los diversos morfotipos que existen en *C. annuum* L. se encuentran los chiles anchos, los cuales son de los tipos con mayor importancia en el país, con aproximadamente 28,000 hectáreas sembradas y una producción anual cercana a 200,000 toneladas para consumo en verde y 21,120 toneladas de chile ancho seco (SIAP, 2014). Dentro del chile tipo ancho se encuentran las siguientes variantes: “mulato”, “ancho”, “cristalino”, “huacle”, “miahuateco” y “dulce”.

El chile mulato presenta frutos de forma triangular, con 18 cm de largo y 8 cm de ancho, y maduración en color café, cuyas poblaciones nativas se siembran en los estados de Durango, Zacatecas, San Luis Potosí, Guanajuato, Aguascalientes, Querétaro y Puebla. Los frutos del chile ancho tienen forma triangular, miden 12 x 6.5 cm aproximadamente y maduran en color rojo; estos chiles nativos se pueden encontrar en los estados de Durango, Zacatecas, San Luis Potosí, Guanajuato y Puebla. Los subtipos cristalinos son de forma triangular, de 12 x 6 cm, en cuyos procesos de maduración la coloración pasa de verde limón, amarillo, naranja y finalmente rojo, y se cultivan en los estados de Durango y Guanajuato. El chile huacle tiene forma trapezoidal, de 10 x 8 cm aproximadamente, con maduración en color negro, y se siembran exclusivamente en el estado de Oaxaca. El chile miahuateco mide 13 x 3 cm, con maduración en café oscuro y se cultivan en el estado de Puebla únicamente. El chile dulce, que es propio del estado de Yucatán, presenta forma arriñonada de 7 x 7 cm, y sus frutos maduran en color rojo (Aguilar *et al.*, 2010).

1.3. Diversidad en Chile

La descripción de la diversidad genética de especies de plantas ha ido mejorando tanto a nivel fenotípico como en el uso de marcadores bioquímicos y moleculares. El desarrollo de nuevas técnicas para medir la diversidad también se ha acompañado de importantes avances en las tecnologías de la información, que permite el análisis de grandes cantidades de datos (Engels *et al.*, 2006). La diversidad genética en Chile ha sido analizada en varios ámbitos; la caracterización morfológica se continúa utilizando para analizar la diversidad fenotípica en especies de Chile domesticadas y silvestres; estos descriptores permiten una discriminación fácil y rápida entre fenotipos, con caracteres altamente heredables y que pueden ser fácilmente detectados a simple vista (IPGRI *et al.*, 1995).

En la caracterización morfológica se pueden utilizar descriptores de tipo botánico-taxonómico, morfológico y morfoagronómico; los primeros describen e identifican a la especie estudiada y son comunes en todos los individuos de esa especie, son altamente heredables y muestran poca o nula variabilidad dentro de la especie, como las variables de tipo floral; por su parte, en los descriptores morfológicos se utilizan caracteres que miden la morfología y arquitectura de la planta, y pueden ser cualitativos o cuantitativos; y los descriptores morfoagronómicos están relacionados con aspectos de manejo agronómico y de producción que son de interés para mejoradores y agrónomos, y en su gran mayoría estos descriptores tienen aceptable heredabilidad, aunque son altamente afectados por el ambiente (Hidalgo, 2003).

En el género *Capsicum* las variables del fruto son las que muestran mayor variación entre el germoplasma analizado, principalmente en diámetro, peso, longitud, ancho, forma, y espesor del pericarpio (Portis *et al.*, 2006; Bozokalfa *et al.*, 2009; do Rêgo *et al.*, 2011); sin embargo, también se ha encontrado variación morfológica en variables vegetativas (Moreno *et al.*, 2007). Por el contrario, las variables con menor variación son las de flores, mismas que son utilizadas para la diferenciación entre especies del género *Capsicum* (Sudré *et al.*, 2010; Ibiza *et al.*, 2011). También se ha señalado que las variables cualitativas ayudan a la diferenciación entre especies, mientras que las variables cuantitativas son de mayor utilidad para valorar la diversidad genética dentro de especies (Ortiz *et al.*, 2010).

La diversidad también puede ser cuantificada mediante descriptores bioquímicos y organolépticos, en compuestos de bajo peso molecular (flavonoides, alcaloides, aminoácidos no proteicos y aceites esenciales), así como en compuestos volátiles, vitaminas y carotenoides (González-Andrés, 2001). El contenido de ciertos metabolitos secundarios en los chiles es de gran importancia para la industria farmacéutica, para la extracción de colorantes y para describir su información nutricional. Los metabolitos que han sido estudiados en el género *Capsicum* son capsaicinoides, ácidos grasos, carotenoides, flavonoides, antioxidantes y color extraíble (Giuffrida *et al.*, 2013; Jarret *et al.*, 2013; Meckelmann *et al.*, 2013; Bae *et al.*, 2014).

Los frutos de los chiles maduros son un buen recurso de pigmentos naturales, que se han utilizado como colorantes para la comida. La coloración de los chiles se debe a la presencia de compuestos carotenoides que son sintetizados durante la maduración del fruto (Hornero-Méndez *et al.*, 2002). Los carotenoides hidrocarbonados son los llamados carotenos, de donde se derivan los que están oxigenados (xantofilas), que pueden ser acíclicos o contener uno o dos anillos al final de la cadena (Mínguez *et al.*, 1996). La estructura más sencilla de los carotenos la posee el licopeno, el cual puede tener varias modificaciones estructurales como ciclización, hidroxilación (OH), epoxidación (O₂), procesos que dan como resultado una amplia variación de carotenoides en la naturaleza (Britton, 1989). La riqueza en pigmentos proporciona una gama de coloraciones a los frutos de los chiles, los cuales pueden ser rojos, naranja, amarillos, morados y de color café, debido a la acumulación de carotenoides en los cromoplastos del pericarpio (Guzman *et al.*, 2011).

Todos los carotenoides que se encuentran en los chiles son isoprenoides C₄₀ y contienen nueve dobles enlaces conjugados en la cadena poliénica central, con diferentes grupos terminales que cambian las propiedades del cromóforo de cada pigmento, lo que permite clasificarlos en dos grupos isocrómicos: amarillos y rojos. La fracción amarilla incluye a zeaxantina, violaxantina, anteraxantina, β-criptoxantina, β-caroteno, y cucurbitaxina A, que también actúan como precursores de los pigmentos rojos. Por su parte, capsantina, capsorrubina y capsantina 5-6 epóxido son los pigmentos que integran a la fracción roja y son propios del género *Capsicum* (Hornero-Méndez *et al.*, 2000). Se ha reportado que capsantina es el principal compuesto presente en chiles rojos completamente maduros, la cual representa de 30 a 60 % del total de carotenoides presentes en el fruto (Guzman *et al.*, 2010; Rodríguez-Uribe *et al.*, 2012). Estos carotenoides tienen

propiedades benéficas para la salud, son fuente de antioxidantes, reducen el riesgo de cáncer, mejoran la respuesta inmune y algunos son precursores de vitamina A (Hornero-Méndez *et al.*, 2002).

Los chiles ricos en carotenoides, además de ser una fuente de provitamina A, son también de gran interés para la extracción del pigmento rojo, y son extraídos como oleorresinas y utilizados como colorante natural en las industrias cosmética, farmacéutica y alimenticia (Guzman *et al.*, 2011). Los máximos valores de color extraíble se han identificado en la variedad mejorada ‘NuMex Garnet’ con más de 300 unidades de color ASTA (ASTA, 1985); esta variedad posee además alto porcentaje de materia seca y poca o nula cantidad de picor de fruto, lo que lo hace una buena fuente para realizar la extracción del pigmento rojo (Walker *et al.*, 2004).

Los ácidos grasos también han sido estudiados en la composición química de los chiles (Jarret *et al.*, 2013; Zaki *et al.*, 2013), y se encuentran tanto en el pericarpio del fruto como en las semillas. Los ácidos grasos no saturados se encuentran en mayor proporción en las semillas, en comparación con el pericarpio de frutos de *C. annuum* (Kim *et al.*, 2002). Los principales ácidos grasos encontrados en semillas son: linoleico (C18:2), oleico (C18:1), palmítico (C16:0) y esteárico (C18:0) (Jarret *et al.*, 2013). Además, en el pericarpio también se ha identificado una proporción de ácido linolénico (18:3) (Kim *et al.*, 2002). Los pigmentos rojos están esterificados con ácidos grasos de cadena corta y saturados, como los ácidos láurico, mirístico y palmítico, que hacen más estables a estos pigmentos; mientras que los pigmentos amarillos son menos estables porque contienen una mayor proporción de ácidos grasos insaturados, y son más atacados por agentes oxidantes (Mínguez *et al.*, 1996).

Debido a la importancia industrial, farmacéutica y alimenticia que tienen los capsaicinoides, se han realizado diversos estudios para cuantificar el nivel de picor en diferentes tipos de chiles de especies domesticadas y silvestres, así como en variedades mejoradas (Bosland y Baral, 2007; Cisneros-Pineda *et al.*, 2007; Canto-Flick *et al.*, 2008; Bosland *et al.*, 2012; Meckelmann *et al.*, 2013). El principal uso médico de estos metabolitos es como analgésico, y se ha descrito su utilidad para disminuir dolores de cabeza, trastornos neuropáticos y artritis (Guzman *et al.*, 2011).

Los capsaicinoides son propios del género *Capsicum*, que empiezan su acumulación a partir del día 20 después de la antesis (Sukrasno y Yeoman, 1993; Stewart *et al.*, 2007), se almacenan en pequeñas vesículas de la epidermis de la placenta de los frutos (Guzman *et al.*, 2011), y confieren la sensación de picor cuando son ingeridos por humanos y mamíferos (Tewksbury y Nabhan, 2001). Se han identificados alrededor de 20 diferentes compuestos capsaicinoides, los cuáles se sintetizan a partir de la vainillilamina y un ácido graso; capsaicina y dihidrocapsaicina son los principales compuestos que dan lugar al 90 % del total de capsaicinoides que contiene un fruto de chile (Vázquez-Flota *et al.*, 2007). Típicamente, las unidades de picor se expresan en unidades Scoville (SHU, Scoville Heat Units), unidades establecidas por Scoville en 1912, donde 1 ppm equivale a 16 SHU (Guzman *et al.*, 2011). Existe una amplia variación en el picor de los chiles, desde los denominados dulces, con poco o nulo contenido de picor (Bosland y Votava, 2012), hasta los más picosos del mundo, entre los que se encuentra la variedad denominada ‘Trinidad Moruga Scorpion’ que alcanza más de 2 millones de SHU; ésta fue resultado de la cruce entre *C. chinense* y *C. frutescens* (Bosland *et al.*, 2012).

El contenido de flavonoides en chiles también ha sido factor de estudio. Estos compuestos aromáticos tienen capacidad antioxidante debido al número y ubicación de los grupos hidroxilo, así como presencia de dobles enlaces en su estructura (Rice-Evans *et al.*, 1996). En chiles se han identificado a quercetina y luteolina como los principales compuestos flavonoides (Howard *et al.*, 2000; Bae *et al.*, 2014). En *C. chinense* se documentó que la presencia de quercetina y luteolina es mínima, lo que se asocia a que *C. chinense* contiene mayor cantidad de capsaicinoides, ya que la síntesis de flavonoides se ubica en la misma ruta biosintética de los capsaicinoides (Howard *et al.*, 2000).

Más recientemente se han utilizado los marcadores moleculares para analizar la diversidad en las especies del género *Capsicum*. Existen diversas técnicas para cuantificar polimorfismo con marcadores moleculares basados en ADN; estos marcadores han sido utilizados como complemento a la caracterización morfológica, y tienen las ventajas de no ser afectados por el ambiente, ser altamente polimórficos y tienen gran utilidad en estudios intraespecíficos (Spooner *et al.*, 2005; Laurentin, 2009). La diversidad genética en chile se ha estudiado mediante diversas técnicas moleculares, como RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA) (Finger *et al.*, 2010),

AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) (Aktas *et al.*, 2009) y SSR (Simple Sequence Repeats) (Moses *et al.*, 2014). Estos últimos son marcadores codominantes, altamente polimórficos y se encuentran distribuidos por todo el genoma, por lo que se han empleado para estudios de diversidad genética, selección asistida por marcadores, mapeo de genomas, diferenciación varietal y huella genética (Varshney *et al.*, 2005; Lightfoot y Iqbal, 2013).

En la última década se ha incrementado el uso de microsatélites para analizar la diversidad genética en las especies del género *Capsicum*, tanto en especies domesticadas como silvestres, y en análisis interespecíficos (González-Jara *et al.*, 2011; Rai *et al.*, 2013; Moses *et al.*, 2014). Los resultados de estos estudios han mostrado que aún existe alto polimorfismo en poblaciones nativas y silvestres, mientras que en híbridos y materiales introducidos el polimorfismo encontrado ha sido poco. En poblaciones nativas de *C. annuum* L. de México se han encontrado más de 15 alelos por locus (González-Jara *et al.*, 2011; Pacheco-Olvera *et al.*, 2012), y se ha descrito que la variación es mayor dentro que entre las poblaciones nativas (Contreras *et al.*, 2011; Pacheco-Olvera *et al.*, 2012).

1.4. Objetivos

1.4.1. Objetivo general

Analizar la diversidad morfológica, molecular y bioquímica de los chiles anchos nativos de México, para conocer su estructura y magnitud, así como inferir las relaciones existentes entre los materiales genéticos.

1.4.2. Objetivos específicos

- Analizar la diversidad fenotípica y las relaciones de similitud de cinco tipos de chiles anchos nativos de México, mediante descriptores morfológicos.
- Examinar la diversidad bioquímica y relaciones de similitud de cinco tipos de chiles anchos nativos de México mediante los compuestos químicos capsaicinoides, carotenoides, ácidos grasos, flavonoides y color extraíble.

- Identificar poblaciones que posean características químicas específicas de interés comercial.
- Caracterizar la diversidad genética y relaciones de similitud de seis tipos de chiles anchos nativos de México mediante microsátélites.
- Analizar la estructura genética de las poblaciones de chiles anchos nativos de México dentro y entre tipos de chiles anchos estudiada con microsátélites.

1.5. Hipótesis

- Existe amplia diversidad morfológica en las poblaciones de chiles anchos nativos de México, con patrones de distribución asociados con los estados de colecta del material estudiado.
- La diversidad bioquímica es abundante para los metabolitos analizados, aun cuando el contenido de picor no es una característica por la cual sean comercializados los chiles anchos, y dicha variación se relaciona con el tipo de chile ancho y con su origen geográfico.
- Existen materiales con atributos químicos de interés comercial por su contenido de metabolitos secundarios específicos.
- Existe amplia variación genética en las poblaciones de chiles anchos de México a nivel de marcadores SSR, y dicha variación presenta patrones relacionados con los sitios de colecta de los materiales analizados y con los diferentes tipos de chiles anchos.
- En la estructura genética a ser revelada por microsátélites, se encontrará mayor diversidad dentro de las poblaciones de chiles anchos que entre las poblaciones.

1.6. Literatura Citada

- Aguilar R. V. H., T. Corona T., P. López L., L. Latournerie M., M. Ramírez M., H. Villalón M., y J. A. Aguilar C. 2010. Los Chiles de México y su Distribución. SINAREFI. Colegio de Postgraduados, INIFAP, IT-Conkal, UANL, UAN. Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. 108 p.
- Aktas H., K. Abak y S. Sensoy. 2009. Genetic diversity in some Turkish pepper (*Capsicum annum* L.) genotypes revealed by AFLP analyses. African Journal of Biotechnology 8:4378-4386.

- ASTA (American Spice Trade Association). 1985. Official Analytical Methods. Method 20.1. Extractable color in Capsicums and their oleoresins. 3rd. ed. American Spice Trade Association. Englewoods Cliff, N. J.
- Bae H., G. K. Jayaprakasha, K. Crosby, K. S. Yoo, D. I. Leskovar, J. Jifon y B. S. Patil. 2014. Ascorbic acid, capsaicinoid, and flavonoid aglycone concentrations as a function of fruit maturity stage in greenhouse-grown peppers. *Journal of Food Composition and Analysis* 33:195-202.
- Bosland P. W. y E. J. Votava. 2012. Peppers. Vegetable and spice *Capsicums*. 2nd ed. Vol. 22. Crop Production Science in Horticulture. CABI. Cambridge, UK. 230 p.
- Bosland P. W. y J. Baral. 2007. 'Bhut Jolokia' - The world's hottest known chile pepper is a putative naturally occurring interspecific hybrid. *HortScience* 42:222-224.
- Bosland P. W., D. Coon y G. Reeves. 2012. 'Trinidad Moruga Scorpion' pepper is the world's hottest measured chile pepper at more than two million Scoville Heat Units. *HortTechnology* 22:534-538.
- Bozokalfa M. K., D. Eşiyok y K. Turhan. 2009. Patterns of phenotypic variation in a germplasm collection of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Turkey. *Spanish Journal of Agricultural Research* 7:83-95
- Britton G. 1989. Carotenoid biosynthesis - an overview. *In: Carotenoids: Chemistry and Biology*. N. I. Krinsky, M. M. Mathews-Roth y R. F. Taylor (eds.). Plenum Press. New York, USA. pp: 167-184.
- Canto-Flick A., E. Balam-Uc, J. J. Bello-Bello, C. Lecona-Guzmán, D. Solís-Marroquín, S. Avilés-Viñas, E. Gómez-Uc, G. López-Puc y N. Santana-Buzzy. 2008. Capsaicinoids content in habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.): Hottest known cultivars. *HortScience* 43:1344-1349.
- Cisneros-Pineda O., L. W. Torres-Tapia, L. C. Gutiérrez-Pacheco, F. Contreras-Martín, T. González-Estrada y S. R. Peraza-Sánchez. 2007. Capsaicinoids quantification in chili peppers cultivated in the state of Yucatan, Mexico. *Food Chemistry* 104:1755-1760.
- Contreras T. A. R., H. López S., A. Santacruz V., E. Valadez M., V.H. Aguilar R., T. Corona T. y P. A. López. 2011. Diversidad genética en México de variedades nativas de chile 'Poblano' mediante microsatélites. *Revista Fitotecnia Mexicana* 34:225-232.

- Djian-Caporalino C., V. Lefebvre, A. M. Sage-Daubèze y A. Palloix. 2006. *Capsicum*. In: Genetic Resources, Chromosome Engineering, and Crop improvement. R. J. Singh (ed.). Volume 3. Vegetable Crops. CRC Press. Boca Raton, Florida, USA. pp: 185-243.
- Do Rêgo, E. R., M. M. do Rêgo, C. D. Cruz, F. L. Finger y V. W. D. Casali. 2011. Phenotypic diversity, correlation and importance of variables for fruit quality and yield traits in Brazilian peppers (*Capsicum baccatum*). *Genetic Resources and Crop Evolution* 58:909–918.
- Engels J. M. M., A. W. Ebert, I. Thormann y M. C. de Vicente. 2006. Centres of crop diversity and/or origin, genetically modified crops and implications for plant genetic resources conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53:1675-1688.
- Eshbaugh W. H. 1993. Peppers: history and exploitation of a serendipitous *new crop* discovery. In: *New Crops*. J. Janick, J. E. Simon (eds.). Wiley. New York. pp: 132-139.
- Finger F. L., S. D. Lannes, A. R. Schuelter, J. Doege, A. P. Comerlato, L. S. A. Gonçalves, F. R. A. Ferreira, L. R. Clovis y C. A. Scapim. 2010. Genetic diversity of *Capsicum chinensis* (Solanaceae) accessions based on molecular markers and morphological and agronomic traits. *Genetics and Molecular Research* 9:1852-1864.
- Giuffrida D., P. Dugo, G. Torre, C. Bignardi, A. Cavazza, C. Corradini y G. Dugo. 2013. Characterization of 12 *Capsicum* varieties by evaluation of their carotenoid profile and pungency determination. *Food Chemistry* 140:794-802.
- González-Andrés F. 2001. La caracterización vegetal: objetivos y enfoques. In: *Conservación y Caracterización de Recursos Fitogenéticos*. González-Andrés F. y J. M. Pita V. INEA. Valladolid, España. pp: 189-198.
- González-Jara P., A. Moreno-Letelier, A. Fraile, D. Piñero y F. García-Arenal. 2011. Impact of human management on the genetic variation of wild pepper, *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*. *PLoS one* 6: e28715. DOI: 10.1371/journal.pone.0028715.
- Guzman I., P. W. Bosland y M. A. O'Connell. 2011. Heat, color, and flavor compounds in *Capsicum* fruit. In: *Recent Advances in Phytochemistry*. Vol. 41. The Biological Activity of Phytochemicals. D. R. Gang (ed.). Springer. New York. pp: 109-126.
- Guzman I., S. Hamby, J. Romero, P. W. Bosland y M. A. O'Connell. 2010. Variability of carotenoid biosynthesis in orange colored *Capsicum* spp. *Plant Science* 179:49-59.

- Hernández-Verdugo S., P. Dávila A y K. Oyama. 1999. Síntesis del conocimiento taxonómico, origen y domesticación del género *Capsicum*. Boletín de la Sociedad Botánica de México 64:65-84.
- Hidalgo R. 2003. Variabilidad genética y caracterización de especies vegetales. In: Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. T. L. Franco, R. Hidalgo (eds.). Boletín Técnico IPGRI No. 8. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI). Cali, Colombia. pp: 2-26.
- Hornero-Méndez D., J. Costa-García y M. I. Mínguez-Mosquera. 2002. Characterization of carotenoid high-producing *Capsicum annuum* cultivars selected for paprika production. Journal of Agricultural and Food Chemistry 50:5711-5716.
- Hornero-Méndez, D., R. Gómez-Ladrón de Guevara y M. I. Mínguez-Mosquera. 2000. Carotenoid biosynthesis changes in five red pepper (*Capsicum annuum* L.) cultivars during ripening. Cultivar selection for breeding. Journal of Agricultural and Food Chemistry 48:3857-3864.
- Howard L. R., S. T. Talcott, C. H. Brenes y B. Villalon. 2000. Changes in phytochemical and antioxidant activity of selected pepper cultivars (*Capsicum* species) as influenced by maturity. Journal of Agricultural and Food Chemistry 48:1713-1720.
- Ibiza V. P., J. Blanca, J. Cañizares y F. Nuez. 2011. Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. Genetic Resources and Crop Evolution 59:1077-1088.
- IPGRI, AVRDC, CATIE. 1995. Descriptors for *Capsicum* (*Capsicum* spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy; the Asian Vegetable Research and Development Center, Taipei, Taiwan, and the Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, Turrialba, Costa Rica. 51 p.
- Jarret R. L., I. J. Levy, T. L. Potter y S. C. Cermak. 2013. Seed oil and fatty acid composition in *Capsicum* spp. Journal of Food Composition and Analysis 30:102-108.
- Kim S., J. Park y K. I. Hwang, 2002. Changes in FA composition and antioxidative activity of pigment extracts from Korean red pepper powder (*Capsicum annuum* L.) due to processing conditions. Journal of the American Oil Chemists' Society 79:1267-1270.
- Laurentin H. 2009. Data analysis for molecular characterization of plant genetic resources. Genetic Resources and Crop Evolution 56:277-292.

- Lightfoot D. A. y M. J. Iqbal. 2013. Molecular mapping and breeding with microsatellite markers. *In: Microsatellites: Methods and Protocols*. S. Kantartzi (ed.). Methods in Molecular Biology. Vol. 1006. Humana Press. New York. pp: 297-317.
- Long-Solís J. 1986. *Capsicum* y Cultura: La Historia del Chili. Fondo de Cultura Económica. México, D. F. 181 p.
- McLeod M. J., S. I. Guttman y W. H. Eshbaugh. 1982. Early evolution of chili peppers (*Capsicum*). *Economic Botany* 36:361-368.
- Meckelmann S. W., D. W. Riegel, M. J. van Zonneveld, L. Ríos, K. Peña, R. Ugas, L. Quinonez, E. Mueller-Seitz y M. Petz. 2013. Compositional characterization of native Peruvian chili peppers (*Capsicum* spp.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61:2530-2537.
- Mínguez M. M. I., M. Jarén G., J. Garrido F. y D. Hornero M. 1996. Carotenoides en el Pimentón: Factores Responsables de su Degradación. CSIC Press. Madrid, España. 138 p.
- Moreno P. E. C., O. Cruz A., C. H. Avendaño A., M. A. T. Martínez D. y A. Peña L. 2007. Morphological variation in *Guajillo* chili pepper plants (*Capsicum annum* L.). *African Crop Science Conference Proceedings* 8:327-332.
- Moscone E. A., M. A. Scaldaferrro., M. Grabile, N. M. Cecchini, Y. Sánchez G., R. Jarret, J. R. Daviña, D. A. Ducasse, G. E. Barboza y F. Ehrendorfer. 2007. The evolution of chili peppers (*Capsicum* – Solanaceae): a cytogenetic perspective. *Acta Horticulturae (ISHS)* 745:137-169.
- Moses M., P. Umaharan y S. Dayanandan. 2014. Microsatellite based analysis of the genetic structure and diversity of *Capsicum chinense* in the Neotropics. *Genetic Resources and Crop Evolution* 61:741-755.
- Ortiz R., F. Delgado F., G. Alvarado y J. Crossa. 2010. Classifying vegetable genetic resources - A case study with domesticated *Capsicum* spp. *Scientia Horticulturae* 126:186-191.
- Pacheco-Olvera A., S. Hernández-Verdugo, V. Rocha-Ramírez, A. González-Rodríguez y K. Oyama. 2012. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum annum* L.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. *Crop Science* 52:231-241.
- Perry L., R. Dickau, S. Zarrillo, I. Holst, D. M. Pearsall, D. R. Piperno, M. J. Berman, R. G. Cooke, K. Rademaker, A. J. Ranere, J. S. Raymond, D. H. Sandweiss, F. Scaramelli, K. Tarble y J. A. Zeidler. 2007. Starch fossils and the domestication and dispersal of chili peppers (*Capsicum* spp. L.) in the Americas. *Science* 315:986-988.

- Pickersgill B. 1989. Genetic resources of *Capsicum* for tropical regions. *In: Tomatoe and Pepper Production in the Tropics*. S. K. Green (ed.). Proceedings of the International Symposium on Integrated Management Practices. Asian Vegetable Research and Development Center. Tainan, Taiwan, pp: 2-9.
- Pickersgill B. 2007. Domestication of plants in the Americas: insights from Mendelian and molecular genetics. *Annals of Botany* 100:925-940.
- Portis E., G. Nervo, F. Cavallanti, L. Barchi y S. Lanteri. 2006. Multivariate analysis of genetic relationships between Italian pepper landraces. *Crop Science* 46:2517-2525.
- Pozzobon, M. T., M. T. Schifino-Wittmann y L. de Bem B. 2006. Chromosome numbers in wild and semidomesticated Brazilian *Capsicum* L. (Solanaceae) species: do $x = 12$ and $x = 13$ represent two evolutionary lines? *Botanical Journal of the Linnean Society* 151:259-269.
- Rai V. P., R. Kumar, S. Kumar, A. Rai, S. Kumar, M. Singh, S.P. Singh, A.B. Rai y R. Paliwal. 2013. Genetic diversity in *Capsicum* germplasm based on microsatellite and random amplified microsatellite polymorphism markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants* 19:575-586.
- Rice-Evans C. A., N. J. Miller y G. Paganga. 1996. Structure - antioxidant activity relationships of flavonoids and phenolic acids. *Free Radical Biology & Medicine* 20:933-956.
- Rodriguez-Uribe L., I. Guzman, W. Rajapakse, R. D. Richins y M.A. O'Connell. 2012. Carotenoid accumulation in orange-pigmented *Capsicum annuum* fruit, regulated at multiple levels. *Journal of Experimental Botany* 63:517-526.
- SIAP (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). 2014. Cierre de la producción agrícola por cultivo. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. SAGARPA. México <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-cultivo>. (Consultado: diciembre de 2014).
- Spooner D., R. van Treuren y M. C. de Vicente. 2005. Molecular markers for genebank management. IPGRI Technical Bulletin No. 10. International Plant Genetic Resources Institute. Rome, Italy. 126 p.
- Stewart Jr., C., M. Mazourek, G. M. Stellari, M. O'Connell y M. Jahn. 2007. Genetic control of pungency in *C. chinense* via the Pun1 locus. *Journal of Experimental Botany* 58:979-991.

- Sudré C. P., L. S. A. Gonçalves, R. Rodrigues, A. T. do Amaral Jr., E. M. Riva-Souza y C. dos S. Bento. 2010. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. *Genetics and Molecular Research* 9:283-294.
- Sukrasno N. y M. M. Yeoman. 1993. Phenylpropanoid metabolism during growth and development of *Capsicum frutescens* fruits. *Phytochemistry* 32:839-844.
- Tewksbury J. J. y G. P. Nabhan. 2001. Seed dispersal: directed deterrence by capsaicin in chillies. *Nature* 412:403-404.
- Varshney R. K., A. Graner y M. E. Sorrells. 2005. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. *Trends in Biotechnology* 23:48-55.
- Vázquez-Flota F., M. L. Miranda-Ham, M. Monforte-González, G. Gutiérrez-Carbajal, C. Velázquez-García y Y. Nieto-Pelayo. 2007. La biosíntesis de capsaicinoides, el principio picante del chile. *Revista Fitotecnia Mexicana* 30:353-360.
- Walker S., M. M. Wall y P. W. Bosland. 2004. 'NuMex Garnet' paprika. *HortScience* 39:629-630.
- Zaki N., A. Hasib, A. Hakmaoui, F. Dehbi y A. Ouatmane. 2013. Assessment of color, capsaicinoids, carotenoids and fatty acids composition of paprika produced from Moroccan pepper cultivars (*Capsicum annuum* L.). *Journal of Natural Sciences Research* 3:111-118.

II. DIVERSIDAD MORFOLÓGICA DE POBLACIONES NATIVAS DE CHILES ANCHOS DE MÉXICO[†]

Rocío Toledo-Aguilar¹, Higinio López-Sánchez^{2¶}, Víctor H. Aguilar-Rincón¹, Pedro A. López², Humberto Vaquera-Huerta¹, Amalio Santacruz-Varela¹, Víctor A. González-Hernández¹, Tarsicio Corona-Torres¹, Moisés Ramírez-Meraz³, Porfirio López-López⁴

¹PREGEP-Genética, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Km 36.5 Carretera México Texcoco. Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. C.P. 56230.

²Colegio de Postgraduados, Campus Puebla. Km 125.5 Carretera Federal México Puebla, Santiago Momoxpan, San Pedro Cholula, Puebla, México. C.P. 72760. [¶]Autor para correspondencia higiniools@colpos.mx.

³Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias – Campo Experimental Las Huastecas. Km 55 Carretera Tampico Mante, Estación Cuauhtemoc, Altamira, Tamaulipas, México. C.P. 89610.

⁴Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias – Campo Experimental Valles Centrales de Oaxaca. Melchor Ocampo No. 7, Santo Domingo Barrio Bajo, Villa de Etla, Oaxaca, México. C.P. 68200.

[†]Se enviará en su versión en inglés para su publicación como artículo científico a la revista Agronomy Journal.

2.1. Resumen

Dentro de los chiles nativos de México, los anchos tienen importancia económica, social y cultural. Este grupo de chiles posee siete subtipos divergentes que no han sido analizados en conjunto y por tanto su diversidad morfológica no se ha descrito de manera sistemática. En esta investigación se evaluó la diversidad fenotípica de poblaciones de chiles anchos nativos de México, con el objetivo de identificar grupos de similitud morfológica y definir las variables que contribuyen más a la variación. El material genético estuvo conformado por 86 poblaciones nativas colectadas en siete estados de México, además de dos híbridos como testigos comerciales. Los 88 materiales genéticos se establecieron en un diseño experimental en bloques completos al azar en dos localidades con dos repeticiones. Las poblaciones y sus testigos se evaluaron mediante 82 variables morfológicas y agronómicas. El análisis estadístico incluyó un análisis de varianza combinado a través de localidades, coeficiente de correlación de Pearson, análisis discriminante, componentes principales y conglomerados. La diversidad morfológica detectada en estas poblaciones de chiles anchos estuvo dada principalmente por variables de fruto, tamaño de hojas maduras y cotiledóneas, así como tamaño de la planta, número de semillas por fruto y diámetro de semilla. Se definieron cinco grupos morfológicamente diferentes y tres poblaciones que no formaron parte de ninguna agrupación. Así, los chiles mulatos nativos de Puebla y la población de chile huacle de Oaxaca difieren morfológicamente con las del norte del país; y los chiles mulatos y miahuatecos se diferencian de los chiles anchos y cristalinos. Tales diferencias morfológicas se deben al tipo de chile y a las condiciones ambientales en las regiones de colecta.

Palabras clave: *Capsicum annuum* L., caracterización, descriptores morfológicos, variación genética, México.

2.2. Introducción

México es centro de domesticación y de diversidad genética de *Capsicum annuum* L. (Pickersgill, 1989; Pickersgill, 2007). Como parte del proceso de domesticación y selección continua, a los chiles se les han modificado características de fruto como tamaño, forma, masa, color, apariencia y picor (Paran y Van der Knaap, 2007; Borovsky y Paran, 2011), lo que ha generado una gran

variación morfológica y diversificación de poblaciones nativas (Pacheco-Olvera *et al.*, 2012), entre las cuales están los llamados anchos. El grupo de chiles anchos considera a varios subtipos, como los denominados “mulato”, “ancho”, “cristalino” o “de chorro”, “huacle”, “miahuateco”, “dulce” y “pasilla” de Oaxaca, mismos que se pueden localizar en los estados de Durango, Zacatecas, Guanajuato, San Luis Potosí, Aguascalientes, Querétaro, Puebla, Oaxaca y Yucatán. Los chiles anchos se cultivan en México en una superficie de 30 mil hectáreas aproximadamente; del total de la producción de chile verde de este país, 13 % corresponde a chiles anchos, mientras que en chiles secos, los anchos aportan 40 % de la producción total (SIAP-SAGARPA, 2012). En general, estos chiles tienen importancia económica y culinaria en México, ya que con ellos se preparan platillos tradicionales, como chiles en nogada, mole poblano y mole negro de Oaxaca (Aguilar *et al.*, 2010), lo que hace necesaria su valoración y preservación.

En los pocos estudios disponibles acerca de la diversidad morfológica en los diferentes tipos de chiles están los de Adetula y Olakojo (2006); Portis *et al.* (2006), Kadri (2009) y Ramalho *et al.* (2011), quienes revelaron la existencia de diversidad morfológica en *C. frutescens* de Nigeria, *C. annuum* de Italia, *C. annuum* de Turquía y *C. baccatum* de Brasil, respectivamente. Las variables de frutos fueron las de mayor importancia para explicar un mayor porcentaje de la variación total, mientras que los caracteres florales son los que mostraron una menor variación. En los chiles anchos de México no se ha realizado un estudio específico que englobe a todos los subtipos existentes y que cuantifique la variación fenotípica. Además, se desconocen las variables con mayor variación en este tipo de chile y las poblaciones nativas que presentan la mayor diversidad morfológica.

Por lo anterior, en la presente investigación se evaluó la diversidad fenotípica de un grupo de poblaciones nativas de los chiles anchos de México mediante descriptores morfológicos, con los objetivos de identificar grupos morfológicamente similares, y definir las variables que aportan mayor diversidad a estas poblaciones. La realización de este estudio también servirá como base para establecer medidas de conservación, aprovechamiento y mejora genética de este valioso recurso fitogenético.

2.3. Materiales y Métodos

2.3.1. Material vegetal

Los materiales evaluados que se describen en el Cuadro 2.1 incluyen a 86 poblaciones nativas de chiles anchos, que se consideran representativas de la diversidad que se cultiva en México. Como testigos se incluyeron los híbridos comerciales Capulín y Abedul (Harris Moran Seed Company). En la Figura 2.1 se ilustran los tipos de chile anchos utilizados para este estudio y los estados donde se colectó la semilla.

2.3.2. Producción de plántula, diseño y unidad experimental, y localidades de evaluación

Las semillas de los 88 materiales de chiles anchos fueron sembradas en charolas de unicel con 200 cavidades en dos fechas, 16 y 19 de febrero de 2011; como sustrato se utilizó una mezcla de tierra de monte y *peat moss* mezcla III TBK[®] en proporción 1:1. La producción de las plántulas se realizó en un invernadero ubicado en Juárez Coronaco, municipio de San Matías Tlalancaleca, Puebla.

Las plántulas de 66 y 69 días después de la siembra se trasplantaron en terrenos de agricultores cooperantes, en un diseño experimental en Bloques Completos al Azar con dos repeticiones, en dos localidades contrastantes. Las localidades de evaluación fueron Rancho Grande, Fresnillo, Zacatecas (23° 27' N y 102° 57' O, altitud de 2024 m) y Santa Cruz, Nombre de Dios, Durango (25° 50' N y 104° 10' O, altitud de 1840 m) (Google Earth, 2012: <http://www.google.com/intl/es/earth>).

La unidad experimental constó de 52 plantas distribuidas en dos surcos de 3.6 m de largo y 0.9 m de ancho, con dos plantas por punto a 0.30 m de distancia.

Cuadro 2.1. Descripción de los materiales de chiles anchos y sus testigos utilizados en la evaluación morfológica, realizada en los estados de Zacatecas y Durango en 2011.

Estado de colecta	No. de poblaciones	Tipo de chile	Estado de colecta	No. de poblaciones	Tipo de chile
Guanajuato	12	Mulato	San Luis Potosí	8	Ancho
	5	Ancho		2	Mulato
	3	Cristalino	Puebla	22	Mulato
Zacatecas	12	Ancho	Oaxaca	3	Miahuateco
	2	Mulato		1	Huacle
Durango	12	Ancho	Híbrido Capulín	1	Mulato
	4	Cristalino	Híbrido Abedul	1	Ancho-rojo

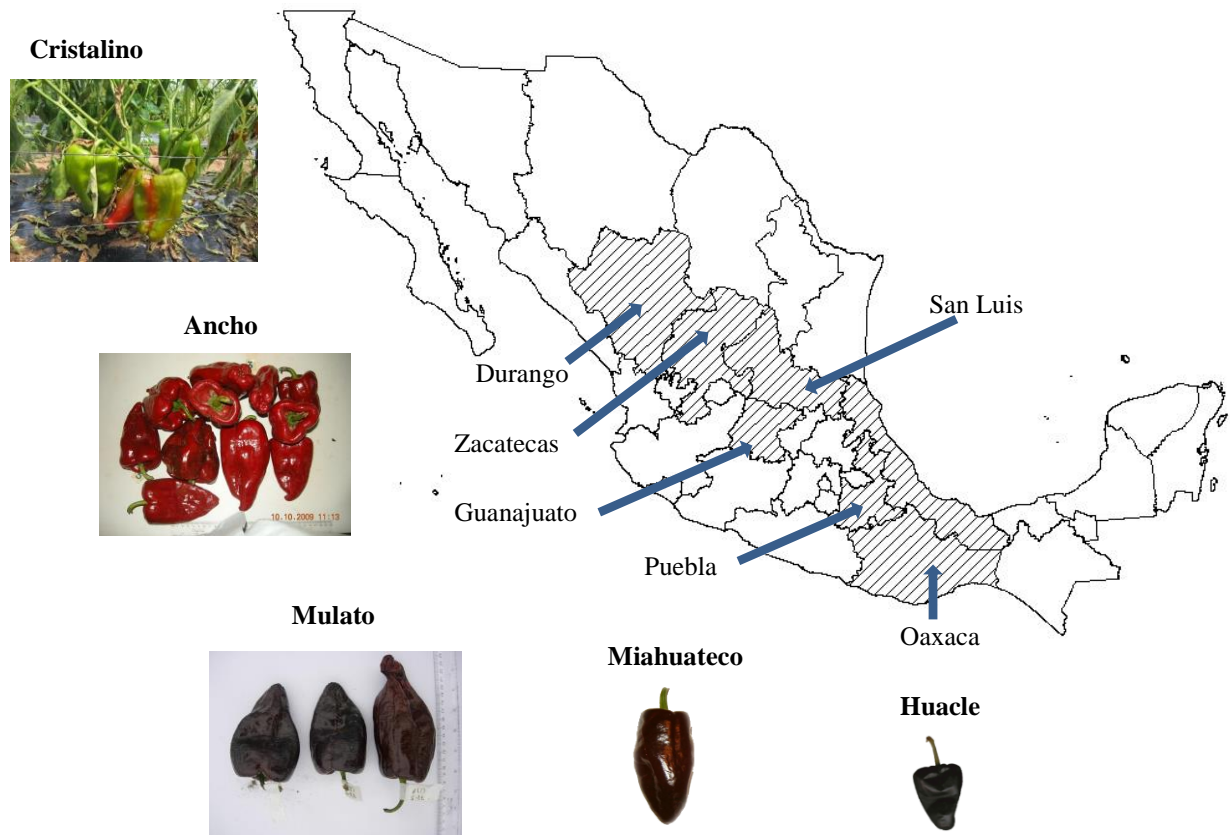


Figura 2.1. Tipos de chile ancho y estados mexicanos donde se colectó la semilla de las poblaciones evaluadas.

2.3.3. Descriptores morfológicos

Se registraron 82 variables morfológicas y agronómicas, de las cuales se tomaron 72 del manual de descriptores para *Capsicum* (IPGRI *et al.*, 1995); la variable color de fruto inmaduro se registró mediante los colores verde oscuro (124612), verde bandera (014F01), verde medio (006600) y verde limón (00CC00). Además se registraron los caracteres de número de bifurcaciones de la rama más larga, número de ramas después de la primera bifurcación, número de ramas primarias, todas consideradas para estimar la densidad de ramificación; también se tomó registro de las variables de número de pétalos y peso de semilla por fruto, por considerarse variables de interés en otros trabajos. Asimismo, se estimaron los índices ancho-longitud de la hoja cotiledónea, de hoja madura, de planta y de fruto fresco. También se estimó el rendimiento de fruto fresco por hectárea.

Las variables de plántula se midieron en invernadero, previo al trasplante. El resto de las variables se registraron en plantas establecidas en campo en las etapas de floración, madurez de la planta y fructificación, como lo indica el manual de descriptores para *Capsicum* (IPGRI *et al.*, 1995). El registro de los descriptores de planta se realizó en diez plantas en competencia completa de cada unidad experimental; las variables de hoja se registraron en diez hojas de diez plantas, los datos de fruto se registraron en un fruto por planta de diez plantas, y los datos de semilla se tomaron en una semilla por fruto de diez frutos por unidad experimental.

2.3.4. Análisis estadísticos

Mediante el programa SAS versión 9.0 (SAS Institute, 2002) se realizaron los siguientes análisis estadísticos: un análisis de varianza combinado a través de localidades (PROC GLM), los coeficientes de correlación de Pearson (PROC CORR) entre variables con significancia estadística, y un análisis discriminante con Stepdisc (PROC STEPDISC). Estos análisis permitieron hacer una reducción a 30 variables (Cuadro 1A de los Anexos): tres variables de plántula, ocho de planta, seis de flor, 11 de fruto y dos de semilla, las cuales se describen en el Cuadro 2.2. Estas variables resultaron ser más informativas y fueron la base para realizar el análisis de componentes principales (PROC PRINCOMP) y de conglomerados (PROC CLUSTER); este último se realizó

mediante las distancias de Gower (Gower, 1971) (Cuadro 2A de los Anexos) y por el método de agrupamiento de Medias Aritméticas no Ponderadas (UPGMA, por sus siglas en inglés). Adicionalmente se efectuó un análisis de pseudo-F (ccc pseudo) (Sarle, 1983) para conocer el número mínimo de agrupaciones que se pueden obtener a partir del dendrograma generado.

Cuadro 2.2. Descriptores morfológicos utilizados en el análisis multivariado de poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Variables
Plántula[†] : Longitud de la hoja cotiledónea (mm), ancho de la hoja cotiledónea (mm), índice ancho-largo de hoja cotiledónea.
Planta^{††} : Color del tallo [¶] , antocianinas en los nudos, altura de planta (cm), índice ancho-largo de la planta, diámetro de tallo (mm), número de bifurcaciones, número de ramas después de la primera bifurcación, índice ancho-largo de la hoja madura.
Floración[‡] : Días a floración*, mancha antocianínica externa en la corola, longitud de la antera (mm), longitud de la corola (mm), pigmentación del cáliz (coloración morada), número de pétalos.
Fructificación[¥] : Manchas antocianínicas en el fruto ^π , color del fruto maduro, forma del fruto, longitud del fruto (cm), ancho del fruto (cm), longitud del pedicelo del fruto (mm), forma del fruto con la unión del pedicelo, número de lóculos por fruto, cuajado del fruto, número de frutos por planta, rendimiento de fruto por planta (g).
Semilla[§] : Diámetro de semilla (mm), número de semillas por fruto.

[†]Medidas cuando el brote terminal tuvo de 1 a 2 mm de tamaño. ^{††}Medias después de la primera cosecha. [¶]Registrada en plantas jóvenes antes del trasplante. *Número de días desde la siembra hasta que el 50% de las plantas tuvieron por lo menos una flor abierta. [‡]Flores totalmente abiertas. ^πFrutos inmaduros justo antes de la madurez. [¥]Frutos maduros del segundo corte. [§]Semillas maduras de frutos del segundo corte.

2.4. Resultados y Discusión

En el análisis de varianza combinado a través de localidades, para el factor localidades se encontró que 57 % de las variables mostraron diferencias estadísticamente significativas, sobre todo en variables cuantitativas; en el factor poblaciones se encontraron diferencias estadísticamente significativas en 61 % de las 82 variables registradas; dicha variación se encuentra principalmente en variables de fruto, mientras que las variables de flores mostraron menor variación. En el factor de variación poblaciones por localidades las diferencias significativas estuvieron en 33 % de las variables registradas, y esta interacción se observó en mayor medida en variables de frutos (Cuadro 2.3).

Cuadro 2.3. Cuadrados medios del análisis de varianza combinado de las variables evaluadas para caracterizar la diversidad morfológica de chiles anchos nativos de México.

Variable	Loc	Pob	Pob x Loc	CV (%)
Color del hipocotilo	0.92 **	0.12 *	0.13 **	9.4
Pubescencia del hipocotilo	0.10 ns	0.03 ns	0.03 ns	9.4
Color de la hoja cotiledónea	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Forma de la hoja cotiledónea	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Longitud de la hoja cotiledónea	3.97 ns	7.06 **	4.62 **	5.8
Ancho de la hoja cotiledónea	1.22 **	0.40 **	0.34 **	6.1
Índice ancho - largo de la hoja cotiledónea	0.01 *	0.01 **	0.01 **	5.7
Ciclo de vida	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Color del tallo	3.89 **	0.91 **	0.38 **	19.9
Forma del tallo	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Antocianinas en los nudos de la planta	22.00 **	3.04 **	1.38 ns	50.5
Pubescencia del tallo	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Hábito de crecimiento de la planta	8.28 *	1.10 ns	1.45 **	15.4
Altura de planta	339.51 *	206.87 **	76.05 *	10.8
Ancho de planta	221.30 ns	94.75 ns	82.62 ns	16.3
Índice ancho - largo de la planta	0.29 **	0.02 **	0.02 **	12.5
Longitud del tallo	1508.94 **	17.79 **	10.21 **	9.2

Cuadro 2.3. Continuación.

Variable	Loc	Pob	Pob x Loc	CV (%)
Diámetro del tallo	14.08 **	1.84 **	1.12 ns	9.5
Densidad de ramificación	245.56 **	7.51 ns	8.20 ns	49.8
Número de bifurcaciones	222.73 **	5.65 **	3.92 ns	11.1
Número de ramas después de la primera bifurcación	1.92 **	0.42 **	0.13 ns	14.5
Número de ramas primaria	269.50 **	0.82 ns	0.74 ns	16.3
Macollamiento	177.56 **	3.33 *	2.78 ns	28.9
Densidad de las hojas	0.28 *	0.05 ns	0.05 ns	3.4
Color de las hojas	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.00
Forma de las hojas	2.91 **	0.18 ns	0.15 ns	22.1
Margen de la lámina foliar	0.03 ns	0.03 ns	0.02 ns	15.5
Pubescencia de las hojas	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Longitud de la hoja madura	23194.62 **	238.32 **	287.11 **	12.9
Ancho de la hoja madura	10198.76 **	104.48 **	97.22 *	16.4
Índice ancho - largo de la hoja madura	0.10 **	0.01 **	0.01 *	7.5
Días a floración	16431.89 **	58.54 **	19.59 **	5.2
Número de flores por axila	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Posición de la flor	3.68 ns	2.23 *	1.50 ns	23.8
Color de la corola	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Mancha antocianínica externa en la corola	3.68 **	0.26 **	2.15 *	7.14
Forma de la corola	0.48 ns	0.17 ns	0.20 ns	22.0
Longitud de la corola	75.74 **	1.01 **	0.45 ns	5.0
Color de las anteras	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Longitud de las anteras	1.09 **	0.07 **	0.03 ns	5.1
Color del filamento	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Longitud del filamento	53.10 **	0.16 **	0.05 ns	5.2
Exserción del estigma	210.18 **	2.17 **	1.81 *	18.6
Esterilidad masculina	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Pigmentación morada del cáliz	0.41 **	0.08 **	0.08 **	25.3
Margen del cáliz	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0

Cuadro 2.3. Continuación.

Variable	Loc	Pob	Pob x Loc	CV (%)
Constricción anular del cáliz	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Número de pétalos	0.00 ns	0.14 **	0.10 *	4.3
Días a fructificación	20725.57 **	66.12 **	21.98 *	6.3
Manchas o rayas antocianínicas en el fruto	3.89 **	0.17 **	0.17**	50.71
Color del fruto en estado intermedio	0.01 ns	1.65 **	0.01 ns	14.5
Cuajado del fruto	4.10 **	0.48 **	0.49 **	6.0
Periodo de fructificación	33813.92 **	76.63 **	28.77 *	3.1
Condición de la mezcla varietal	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Número de frutos por planta	622.23 **	15.23 **	6.80 **	35.2
Rendimiento de fruto por planta	40118.79 *	9312.67 *	6419.92 ns	38.6
Rendimiento de fruto fresco por hectárea	258.93 *	59.92 *	41.28 ns	38.6
Color del fruto en estado maduro	3.93 *	20.35 **	0.55 *	6.0
Forma del fruto	0.16 ns	0.24 **	0.06 ns	8.9
Longitud del fruto	3.42 ns	2.87 **	1.22 ns	10.4
Ancho del fruto	8.62 **	2.15 **	0.31 ns	9.4
Índice ancho - largo del fruto	0.07 **	0.02 **	0.01 ns	12.3
Forma del fruto en la unión con el pedicelo	0.48 ns	0.78 **	0.35 *	10.5
Cuello de la base del fruto	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Forma del ápice del fruto	1.63 **	0.12 ns	0.12 *	14.9
Apéndice en el fruto	15.42 **	0.35 **	0.19 *	70.4
Tipo de epidermis del fruto	0.47 **	0.05 ns	0.05 ns	21.2
Pedicelo con el fruto	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Pedicelo con el tallo	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Peso del fruto	68.87 ns	1538.93 **	355.76 ns	33.2
Longitud del pedicelo del fruto	7.03 ns	90.88 **	28.56 ns	13.7
Espesor de la pared del fruto	5.59 **	0.85 **	0.12 ns	10.7
Arrugamiento transversal del fruto	50.40 **	3.11 **	2.09 ns	30.1
Número de lóculos en el fruto	0.09 ns	0.59 **	0.19 *	15.3
Longitud de la placenta	175.26 **	10.82 ns	6.51 ns	13.0

Cuadro 2.3. Continuación.

Variable	Loc	Pob	Pob x Loc	CV (%)
Color de la semilla	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Superficie de la semilla	0.00 -	0.00 -	0.00 -	0.0
Tamaño de la semilla	14.08 **	1.58 **	0.87 ns	14.0
Diámetro de la semilla	1.74 **	0.10 **	0.03 ns	4.4
Peso de mil semillas	1.45 ns	2.43 **	0.76 ns	13.2
Peso de semillas por fruto	2.65 **	0.43 **	0.17 ns	23.1
Número de semillas por fruto	28141.61 **	4173.53 **	2526.29 ns	19.6

Loc: localidades, Pob: poblaciones, CV: coeficiente de variación, ns: diferencias estadísticas no significativas, *, **: diferencias estadísticamente significativas al 5 % y 1 % de probabilidad, respectivamente, -: no hubo diferencias numéricas en las medias. Variables con cuadrados medios igual a cero en los factores de variación y CV no mostraron diferencias numéricas en las mediciones.

Geleta *et al.* (2005) encontraron diferencias estadísticamente significativas para todas las variables de fruto en poblaciones de *C. annuum* colectadas en 14 países. Por su parte, Adetula y Olakojo (2006) encontraron diferencias estadísticamente significativas en 59 % de las variables, y la mayor variación se encontró en variables de fruto para colecciones de *C. frutescens* de Nigeria. En esta investigación, la variación detectada entre los tipos de chiles anchos de México ocurrió principalmente en variables de fruto correspondientes a formas, tamaños y colores, tanto entre tipos de chiles como dentro de cada población estudiada.

El análisis de componentes principales indicó que 58 % de la variación estuvo explicada por los primeros cinco componentes principales. El componente principal 1 (CP1) explicó 28.6 % de la variación total, compuesto por ancho de fruto; el CP2 aportó 8.5 % de la variación total, influenciado por número de lóculos en el fruto, rendimiento de fruto fresco por planta y cuajado de fruto; el CP3 contribuyó con 8.2 % de la variación total y estuvo integrado por variables de forma la hoja: índice ancho-largo de la hoja madura y ancho de la hoja cotiledónea; el CP4 contribuyó con 7 % de la variación total, constituido por índice ancho-largo de la hoja cotiledónea, longitud de la hoja cotiledónea y diámetro de la semilla; y el CP5 aportó 5.6 % de la variación

total, compuesta por índice ancho-largo de la planta y número de semillas por fruto. Las variables con mayor aportación a cada componente principal se eligieron con vectores propios mayores a |0.3| (Cuadro 3A de los Anexos).

En los chiles anchos nativos de México las variables de fruto fueron las que principalmente justificaron la variación total, así como tamaño de las hojas maduras y cotiledóneas, además de tamaño de la planta, diámetro de semillas y número de semillas por fruto. Datos similares han mostrado otros autores, quienes indicaron que las características de fruto son los que aportan una mayor variación al género *Capsicum* (Adetula y Olakojo, 2006; Portis *et al.*, 2006; Kadri *et al.* 2009; Ramalho *et al.*, 2011). Qaryouti *et al.* (2003) también mencionaron que el peso, longitud, ancho, curvatura, picor y color de los frutos son características importantes que pueden ser utilizadas por los mejoradores.

Por el contrario, en los estudios de Rivera *et al.* (2004) y de Moreno *et al.* (2007), las variables vegetativas fueron las que mostraron mayor variación. Para Ortiz *et al.* (2010) los descriptores cuantitativos fueron de gran utilidad para valorar la diversidad genética dentro de especies, mientras que los cualitativos ayudan fuertemente en la diferenciación entre especies. La diversidad en variables de fruto entre las especies del género *Capsicum* ha sido descrita en otros estudios (Sood y Kumar, 2011; Jarret *et al.*, 2007; Jarret, 2007). En cambio, para Idowu-Agida *et al.* (2012) la mayor diversidad en *C. frutescens* de Nigeria se encuentra en variables de flores, frutos y semillas. La diversidad genética dentro y entre especies de Chile puede ser empleada en programa de mejoramiento genético, sobre todo para mejorar la calidad del fruto (Dagnoko *et al.*, 2013).

Las variables de flor fueron las que mostraron menor variación en las poblaciones de Chile Ancho aquí estudiadas. Este resultado es razonable, ya que estas características han mostrado una considerable consistencia y son empleadas para la identificación taxonómica del género *Capsicum* (Kumar y Krishna, 2003; Onus y Pickersgill, 2004; Malveira *et al.*, 2008; Ince *et al.*, 2010; Sudré *et al.*, 2010; Ibiza *et al.*, 2011), y también para la correcta asignación de las accesiones a sus respectivas especies (Baral y Bosland, 2004; Ortiz *et al.*, 2010).

La dispersión de las poblaciones de acuerdo con los primeros tres componentes principales se muestra en la Figura 2.2. En ésta, los chiles mulatos colectados en Puebla se separan del resto de las poblaciones del norte del país; esta separación se debe a que los chiles mulatos de Puebla son más angostos, presentan dos lóculos en el fruto y menor rendimiento promedio por planta, mientras que los chiles mulatos del norte de México en su mayoría tienen tres lóculos y forman frutos más anchos y de mayor rendimiento.

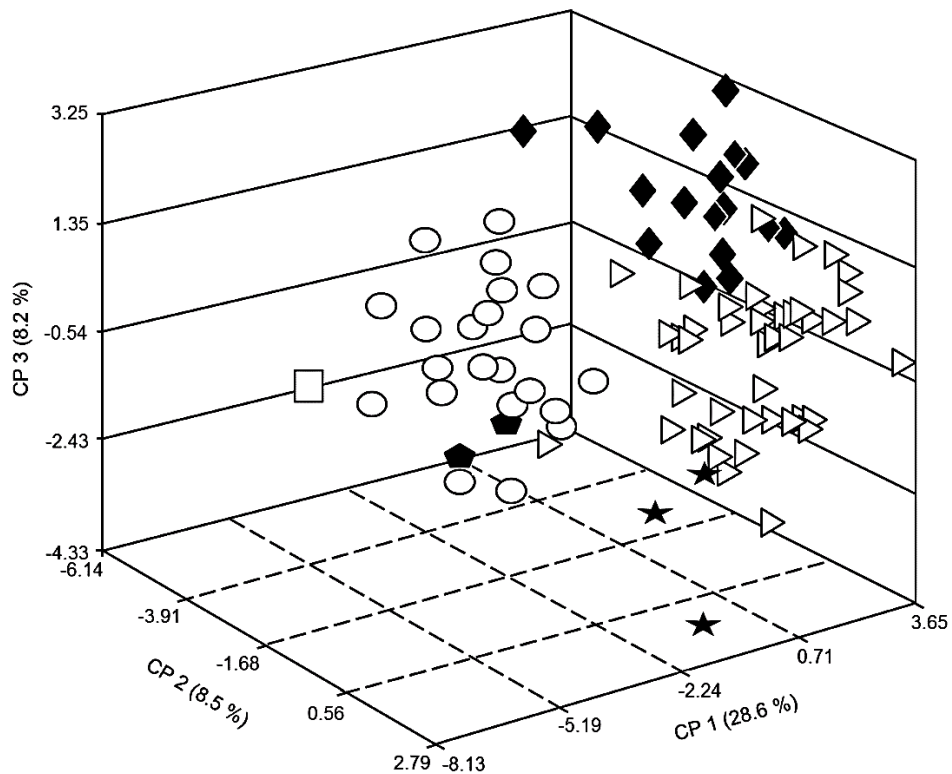


Figura 2.2. Dispersión de las poblaciones nativas de chiles anchos de México y dos híbridos, en función de los primeros tres componentes principales.

Triángulo: anchos, cristalinos e híbrido ancho; rombo: mulatos del norte de México e híbrido mulato; estrella: miahuatecos; círculo: mulatos de Puebla; cuadrado: huacle; pentágono: anchos de San Luis Potosí.

Es de destacar que los chiles de Puebla en estado inmaduro presentan gran cantidad de antocianinas que los otros chiles no poseen. En el mismo sentido, la población proveniente de Oaxaca presenta chiles un poco más anchos que los poblanos (5.4 cm), con tres lóculos en los frutos y con un rendimiento por planta menor que los chiles poblanos, y por tanto, menor que los chiles del norte

del país. Se puede inferir entonces que los diferentes nichos ecológicos donde se cultivan estos chiles dieron lugar a las diferencias morfológicas aquí reportadas y explican la separación entre los chiles del norte con los de Puebla y con la población de chile huacle de Oaxaca. Este mismo fenómeno se ha reportado en especies como maíz en México, donde los agricultores seleccionan las características que son mejores para ellos (Louette y Smale, 2000; Soleri *et al.*, 2000); y son ellos quienes mantienen la diversidad genética de los cultivos (Engels *et al.*, 2006; Gepts, 2006).

En chiles poblanos, Rodríguez *et al.* (2007) señalaron que las características deseables por los agricultores son mayor rendimiento, mayor tamaño del fruto, uniformidad en forma y coloración del fruto, así como mejor sanidad en frutos y plantas. Las diferencias morfológicas entre los chiles anchos de Puebla y los de otros estados pueden deberse a que el chile mulato en Puebla es cultivado en minifundios y con un legado cultural, donde preservar la semilla nativa heredada por sus ancestros es muy importante. Por el contrario, los chiles del norte del país se siembran en superficies mayores, y la selección se ha enfocado a obtener frutos de mayor peso y tamaño y con una forma de fruto triangular más agradable para el mercado, así como una mayor altura de planta. Por otra parte, los chiles huacles, que se encuentran únicamente en una pequeña región en Oaxaca, han conservado características muy diferentes en todos los aspectos, tales como forma, coloración, tamaño y peso, mismos que han sido preservados así por ser un ingrediente esencial del mole negro de Oaxaca.

En la Figura 2.3 se muestra el dendrograma derivado del análisis de conglomerados. El análisis de pseudo-F indicó que del dendrograma originado se pueden obtener dos agrupaciones mínimas. Sin embargo, con base en el conocimiento de estos materiales y para estudios posteriores, aquí se decidió delimitar cinco subgrupos de poblaciones nativas de chiles anchos y tres poblaciones que no formaron parte de ningún grupo. De forma paralela con el análisis de componentes principales, este análisis muestra una diferenciación entre los chiles mulatos de Puebla (Grupo V) y el resto de las poblaciones evaluadas, ya que los chiles mulatos de Puebla, además de presentar frutos angostos, también mostraron otras diferencias, principalmente por tener hoja más pequeña, semilla chica, planta angosta y menor cantidad de semillas por fruto.



Figura 2.3. Agrupaciones formadas con las poblaciones nativas de chiles anchos de México y los testigos, mediante la distancia de Gower y el método de agrupamiento de UPGMA.

Estados de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca). H: híbrido.

En el Grupo I se integraron todos los chiles mulatos de Zacatecas, San Luis Potosí y Guanajuato. También se logró asociar en este grupo al híbrido mulato comercial Capulín, el cual es más parecido morfológicamente a los chiles mulatos de Guanajuato. Este estado es de los principales productores de chile mulato en el país, y quizá los progenitores de estos híbridos se encuentren en éste, o alternativamente, los chiles mulatos de Guanajuato podrían ser el resultado de generaciones avanzadas de híbridos. Los chiles mulatos del Grupo I muestran chiles de 6.4 cm de ancho, tres lóculos en el fruto y rendimiento promedio por planta de 200 g de fruto fresco.

El Grupo II está formado por una mezcla de chiles anchos rojos y cristalinos, con frutos de 6.1 cm de ancho y tres lóculos, y rendimiento promedio por planta de 218 g. Los frutos de maduración en rojo (cristalinos y anchos) no se logran separar totalmente entre ellos, probablemente debido a la existencia de flujo de polen, o al intercambio de semilla o plántula, ya que estos dos tipos de chile se cultivan en terrenos muy cercanos, y a que la coloración de los frutos, tanto maduros como inmaduros, no fue de las características que conformaron los principales componentes.

Dos poblaciones de chiles anchos de San Luis Potosí conforman el Grupo III. Este grupo se caracteriza por tener frutos pequeños de 5.5 cm de ancho, con dos lóculos y un rendimiento promedio por planta de 107 g. Por su parte, las tres poblaciones de chiles miahuatecos de Puebla conformaron al Grupo IV, cuyos chiles son de tamaño pequeño, con 4.9 cm de ancho, con dos lóculos y un rendimiento por planta de 149 g.

Los promedios y modas de las variables que más influyeron en los primeros cinco componentes principales, y que apoyan las agrupaciones generadas a partir del análisis de conglomerados, se muestran en el Cuadro 2.4, en el que pueden también observarse los datos obtenidos y las diferencias que existen entre los grupos y los datos correspondientes a las tres poblaciones individuales. La diversidad aquí detectada en los chiles anchos de México da una idea de la dirección que ha tomado la selección empírica ejercida sobre estas poblaciones nativas, y del efecto que los diferentes nichos ecológicos han provocado sobre las poblaciones estudiadas, lo cual permitió diferenciarlas, y ello da margen a realizar mejoramiento genético enfocado a nichos ecológicos específicos.

Al respecto, Votava *et al.* (2005) señalan que cada agricultor realiza selección, lo que explica en cierta medida la enorme variabilidad entre las poblaciones nativas de chiles anchos. Las diferencias morfológicas existentes entre los diferentes subtipos revelados en este estudio son divergentes, y demuestran una diversidad considerable. Al respecto, Lefebvre *et al.* (1993) mencionan que para *C. annuum* la diversidad morfológica es muy amplia en comparación con otras especies autógamias, y que el comportamiento reproductivo puede ser una causa de dicha variabilidad. Las condiciones ambientales del sitio geográfico de cultivo también pueden contribuir a la amplia variación entre genotipos de *C. annuum* L. (Geleta *et al.*, 2005).

Cuadro 2.4. Promedios de las variables que conforman los primeros cinco componentes principales, para los cinco grupos y tres poblaciones individuales de chiles anchos.

Grupo	AFR [†] (cm)	NLF	RFP (g)	CUR	IALHM	AHC (mm)	IALHC	LHC (mm)	DSE (mm)	ILAP	NSF
I	6.4	3	200.2	7	0.52	4.38	0.23	18.95	4.57	0.70	246
II	6.1	3	218.2	7	0.49	4.15	0.22	18.92	4.52	0.77	235
III	5.5	2	106.9	5	0.48	4.05	0.21	19.15	4.61	0.68	184
IV	4.9	2	149.0	7	0.46	3.93	0.20	19.28	4.56	0.74	220
V	4.8	2	160.1	7	0.52	4.13	0.23	17.98	4.30	0.83	202
O-Huacle	5.6	2	277.4	7	0.50	4.38	0.25	17.70	4.32	0.74	217
Z-Ancho	6.8	3	155.0	7	0.51	4.30	0.23	18.68	4.64	0.77	249
G-Mulato	5.4	3	126.7	7	0.47	4.68	0.26	18.48	4.17	0.77	273

[†]AFR: ancho de fruto; NLF: número de lóculos en el fruto; RFP: rendimiento de fruto por planta; CUR: Cuajado de fruto; IALHM: índice ancho-longitud de la hoja madura; AHC: ancho de la hoja cotiledónea; IALHC: índice ancho-longitud de la hoja cotiledónea; LHC: longitud de la hoja cotiledónea; DSE: diámetro de semilla; IALP: índice ancho-longitud de la planta; NSF: número de semillas en el fruto.

2.5. Conclusiones

La diversidad morfológica detectada entre las poblaciones nativas de chiles anchos de México está sustentada principalmente en características de calidad de fruto, tamaño de las hojas y la planta, así como diámetro y número de semillas por fruto. Estas características permiten separar a los chiles anchos con maduración en color rojo (tipos anchos y cristalinos) de los chiles mulatos, miahuatecos y huacle, de acuerdo con patrones divergentes. En los chiles mulatos existen diferencias morfológicas entre los colectados en Puebla y los del norte del país, lo que permitió su separación. Las diferencias morfológicas entre los chiles anchos de México se asocian con el tipo de chile y con las regiones de colecta.

Agradecimientos

A las fuentes financieras de esta investigación: Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos, y las Fundaciones Produce de Durango, Zacatecas y Puebla. Asimismo, a la Bióloga Luz María Olivares, por el gran apoyo otorgado durante el registro de los datos morfológicos.

2.6. Literatura Citada

- Adetula A. O. y S. A. Olakojo. 2006. Genetic characterization and evaluation of some pepper accessions *Capsicum frutescens* (L.): The Nigerian 'Shombo' collections. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences* 1: 273-281.
- Aguilar R. V. H., T. Corona T., P. López L., L. Latournerie M., M. Ramírez M., H. Villalón M. y J. A. Aguilar C. 2010. Los Chiles de México y su Distribución. SINAREFI. Colegio de Postgraduados, INIFAP, IT-Conkal, UANL, UAN. Montecillo, Texcoco, Estado de México. 114 p.
- Baral J. B. y P. W. Bosland. 2004. Unraveling the species dilemma in *Capsicum frutescens* and *C. chinense* (Solanaceae): a multiple evidence approach using morphology, molecular analysis, and sexual compatibility. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 129: 826-832.

- Borovsky Y. y I. Paran. 2011. Characterization of *fs10.1*, a major QTL controlling fruit elongation in *Capsicum*. *Theoretical and Applied Genetics* 123: 657-665.
- Dagnoko S., N. Yaro-Diarisso, P. N. Sanogo, O. Adetula, A. Dolo-Nantoumé, K. Gamby-Touré, A. Traoré-Théra, S. Katilé y D. Diallo-Ba. 2013. Overview of pepper (*Capsicum* spp.) breeding in West Africa. *African Journal of Agricultural Research* 8: 1108-1114.
- Engels J. M. M., A. W. Ebert, I. Thormann y M. C. de Vicente. 2006. Centers of crop diversity and/or origin. Genetically modified crops and implications for plant genetic resources conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53:1675-1688.
- Geleta L. F., M. T. Labuschagne y C. D. Viljoen. 2005. Genetic variability in pepper (*Capsicum annuum* L.) estimated by morphological data and amplified fragment length polymorphism markers. *Biodiversity and Conservation* 14: 2361-2375.
- Gepts P. 2006. Plant genetic resources conservation and utilization: the accomplishments and future of a societal insurance policy. *Crop Science* 46: 2278-2292.
- Gower J. C. 1971. A general coefficient of similarity and some of its properties. *Biometrics* 27: 857-871.
- Ibiza V. P., J. Blanca, J. Cañizares y F. Nuez. 2011. Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. *Genetic Resources and Crop Evolution* 59: 1077-1088.
- Idowu-Agida O. O., D. J. Ogunniyan y E. O. Ajayi. 2012. Flowering and fruiting behavior of long Cayenne pepper (*C. frutescens*). *International Journal of Plant Breeding and Genetics* 6: 228-237.
- Ince A. G., M. Karaca y A. N. Onus. 2010. Genetic relationships within and between *Capsicum* species. *Biochemical Genetics* 48: 83-95.
- IPGRI, AVRDC y CATIE. 1995. Descriptors for *Capsicum* (*Capsicum* spp.). International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy; the Asian Vegetable Research and Development Center, Taipei, Taiwan, and the Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza, Turrialba, Costa Rica. 51 p.
- Jarret R. L. 2007. Morphologic variation for fruit characteristics in the USDA/ARS *Capsicum baccatum* L. germplasm collection. *HortScience* 42: 1303-1305.
- Jarret R. L., E. Baldwin, B. Perkins, R. Bushway y K. Guthrie. 2007. Diversity of fruit quality characteristics in *Capsicum frutescens*. *HortScience* 42:16-19.

- Kadri B. M., D. Eşiyok y K. Turhan. 2009. Patterns of phenotypic variation in a germplasm collection of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Turkey. Spanish Journal of Agricultural Research 7: 83-95.
- Kumar B. S. y A. Krishna D. 2003. *Capsicum*: historical and botanical perspectives. In: *Capsicum*: The genus *Capsicum*. A. Krishna D. (ed). Taylor & Francis Ltd. New York, USA. pp: 1-15.
- Lefebvre V., A. Palloix y M. Rives. 1993. Nuclear RFLP between pepper cultivars (*Capsicum annuum* L.). Euphytica 71: 189-199.
- Louette D. y M. Smale. 2000. Farmers' seed selection practices and traditional maize varieties in Cuzalapa, Mexico. Euphytica 113: 25-41.
- Malveira F. R., R. Lopes, W. Silva B., M. T. Gomes L. y F. Medeiros F. 2008. Morphologic characterization and genetic diversity of *Capsicum chinense* Jacq. accessions along the upper Rio Negro - Amazonas. Crop Breeding and Applied Biotechnology 8: 187-194.
- Moreno P. E. C., O. Cruz A., C. H. Avendaño A., M. A. T. Martínez D. y A. Peña L. 2007. Morphological variation in Guajillo chili pepper plants (*Capsicum annuum* L.). African Crop Science Society Proceedings 8: 327-332.
- Onus A. N. y B. Pickersgill. 2004. Unilateral incompatibility in *Capsicum* (Solanaceae): occurrence and taxonomic distribution. Annals of Botany 94: 289-295.
- Ortiz R., F. Delgado F., G. Alvarado y J. Crossa. 2010. Classifying vegetable genetic resources - A case study with domesticated *Capsicum* spp. Scientia Horticulturae 126:186-191.
- Pacheco-Olvera A., S. Hernández-Verdugo, V. Rocha-Ramírez, A. González-Rodríguez y K. Oyama. 2012. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum Annuum* L.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. Crop Science 52:231-241.
- Paran I. y E. van der Knaap. 2007. Genetic and molecular regulation of fruit and plant domestication traits in tomato and pepper. Journal of Experimental Botany 58: 3841-3852.
- Pickersgill B. 1989. Genetic resources of *Capsicum* for tropical regions. In: Tomato and Pepper Production in the Tropics. S.K. Green (ed.). Proceedings of the International Symposium on Integrated Management Practices. AVRDC Publication No. 89-317. Asian Vegetable Research and Development Center. Tainan, Taiwan. pp: 1-9.
- Pickersgill B. 2007. Domestication of plants in the Americas: insights from Mendelian and molecular genetics. Annals of Botany 100: 925-940.

- Portis E., G. Nervo, F. Cavallanti, L. Barchi y S. Lanteri. 2006. Multivariate analysis of genetic relationships between Italian pepper landraces. *Crop Science* 46: 2517-2525.
- Qaryouti M. M., H. Hamdan y M. Edwan. 2003. Evaluation and characterization of Jordanian pepper (*Capsicum annuum* L.) landraces. *Capsicum and Eggplant Newsletter* 22: 21-24.
- Ramvalho R. E., M. Monteiro R., C. Damião C., F. Luiz F. y V. W. Dias C. 2011. Phenotypic diversity, correlation and importance of variables for fruit quality and yield traits in Brazilian peppers (*Capsicum baccatum*). *Genetic Resources and Crop Evolution* 58: 909–918.
- Rivera M. A., L. Terrén P., J. M. Rodríguez B., J. L. Andrés A. y J. Fernández P. 2004. Characterization of local pepper lines from Northwest Spain. *Capsicum and Eggplant Newsletter* 23: 25-28.
- Rodríguez J., B. V. Peña O., A. Gil M., B. Martínez C., F. Manzo y L. Salazar L. 2007. Rescate *in situ* del chile ‘Poblano’ en Puebla, México. *Revista Fitotecnia Mexicana* 30: 25-32.
- Sarle, W. S. 1983. Cubic Clustering Criterion. SAS Technical Report A-108, Cary, NC: SAS Institute Inc.
- SAS Institute. 2002. SAS/STAT User’s Guide: Software Version 9.0. Statistical Analysis System Institute. Cary, North Carolina, USA. 4424 p.
- SIAP-SAGARPA. 2012. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <http://www.siap.gob.mx/agricultura-produccion-anual/>. Consultado el 10 de mayo de 2014.
- Soleri D., S. E. Smith y D. A. Cleveland. 2000. Evaluating the potential for farmer and plant breeder collaboration: A case study of farmer maize selection in Oaxaca, Mexico. *Euphytica* 116: 41-57.
- Sood S y N. Kumar. 2011. Morphological studies of bell pepper germplasm. *International Journal of Vegetable Science*, 17: 144-156.
- Sudré C. P., L. S. A. Gonçalves, R. Rodrigues, A. T. do Amaral Jr., E. M. Riva-Souza y C. S. Bento. 2010. Genetic variability in domesticated *Capsicum* spp as assessed by morphological and agronomic data in mixed statistical analysis. *Genetics and Molecular Research* 9: 283-294.

Votava E. J., J. B. Baral y P. W. Bosland. 2005. Genetic diversity of chile (*Capsicum annuum* var. *annuum* L.) landraces from Northern New Mexico, Colorado, and Mexico. *Economic Botany* 59: 8-17.

III. DIVERSIDAD BIOQUÍMICA DE CHILES ANCHOS NATIVOS DE MÉXICO

Rocío Toledo-Aguilar[†], Higinio López-Sánchez[‡], Omar Holguin[§], Paul W. Bosland[§], Pedro Antonio López[‡], Víctor A. González-Hernández[†], Víctor Heber Aguilar-Rincón[†], Amalio Santacruz-Varela[†], Humberto Vaquera-Huerta[†]

[†]PREGEP-Genética, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Estado de México, México.

[‡]PROEDAR, Colegio de Postgraduados, Campus Puebla. Puebla, México.

[§]Department of Plant and Environmental Sciences, New Mexico State University. N.M., U.S.A.

3.1. Resumen

En México los chiles anchos se siembran en varias regiones y son reconocidos por conferir sabor y color a platillos típicos mexicanos, como chiles en nogada, mole negro, mole poblano y adobos. Aunque son de los chiles más importantes en el país, la descripción de sus compuestos químicos es limitada; por ello el objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad bioquímica de los chiles tipo ancho (mulato, ancho, cristalino, miahuateco y huacle) nativos de México. Se analizaron 35 poblaciones nativas y dos híbridos comerciales. Las poblaciones se establecieron en una localidad de Zacatecas, México para su crecimiento, cosecha y secado. Se cuantificó el contenido de flavonoides, capsaicinoides, ácidos grasos, carotenoides y color extraíble. Se realizó un análisis de varianza mediante un modelo completamente al azar para detectar posibles diferencias estadísticas entre genotipos; además, se realizaron análisis de componentes principales y de agrupamiento para visualizar relaciones de similitud entre las poblaciones estudiadas. La concentración de flavonoides fluctuó de 70 a 370 mg kg⁻¹ de fruto seco, en capsaicinoides de 39 a 7022 unidades Scoville, en color extraíble de 65 a 195 unidades ASTA. Los ácidos oleico, palmítico y α -linolénico fueron los principales ácidos grasos encontrados. El contenido de capsantina fue el carotenoide que se presentó en mayor proporción. Se encontró una amplia variación en el contenido de fitoquímicos, además de relaciones de similitud entre las poblaciones con base en el tipo de chile ancho estudiado, pero no se encontró una relación clara entre la composición química y las localidades de origen de los materiales.

Palabras clave: *C. annuum* L., flavonoides, capsaicinoides, color extraíble, carotenoides, ácidos grasos, análisis multivariado.

3.2. Introducción

Los chiles tipo ancho (*Capsicum annuum* L.) nativos de México tienen importancia gastronómica por ser ingrediente principal de platillos de la comida tradicional mexicana, como mole negro, mole poblano, chiles en nogada, entre otros. Los chiles tipo ancho se conocen con varios nombres locales, como mulato, ancho, cristalino, miahuateco, huacle o chilhuacle, pasilla de Oaxaca y dulce de Yucatán, que se siembran en al menos nueve estados del país (Aguilar *et al.*, 2010), en una

superficie aproximada de 28,000 hectáreas. Por ello, aunado a los recursos económicos que generan, estos chiles ocupan el segundo lugar de importancia en México (SIAP, 2014).

Las características bioquímicas como aroma, color y sabor colocan a los chiles como un importante ingrediente de la dieta de millones de personas; además, los chiles son un excelente recurso de vitaminas, antioxidantes y han sido señalados como agentes anticancerígenos; contribuyen también en el combate de algunas enfermedades cardiovasculares, diabetes y anemia (Bosland y Votava, 2012).

Los capsaicinoides son compuestos alcaloides propios de los chiles que se almacenan en la placenta de los frutos (Cisneros-Pineda *et al.*, 2007), lo cual confiere la característica de picor a frutos del género *Capsicum*. Se ha reportado que los principales capsaicinoides son capsaicina [(E)-N-(4-hidroxi-3-metoxibencil)-8-metil-6-nonenamida] y dihidrocapsaicina [N-(4-hidroxi-3-metoxibencil)-8-metilnonenamida], que juntos acumulan entre 80 y 90 % del total de picor de un fruto (Giuffrida *et al.*, 2013; Meckelmann *et al.*, 2013).

La coloración de los chiles maduros es otra característica importante y se origina por la producción de pigmentos carotenoides que se dividen en carotenos (hidrocarburos) y xantofilas (compuestos oxigenados) (Giuffrida *et al.*, 2013). En chiles los pigmentos rojos se deben a la presencia de capsantina, capsorrubina y capsantina 5-6 epóxido, que son propios del género *Capsicum*, y los pigmentos amarillos y naranja contienen zeaxantina, violaxantina, anteraxantina, β -criptoxantina, β -caroteno, y cucurbitaxina A, que son precursores de los pigmentos rojos (Hornero-Méndez *et al.*, 2000; Sun *et al.*, 2007; Rodríguez-Uribe *et al.*, 2012). Entre estos carotenoides, capsantina es el principal en los chiles rojos completamente maduros, donde representa del 30 al 60 % del total de carotenoides en un fruto (Guzman *et al.*, 2010; Rodríguez-Uribe *et al.*, 2012).

Los ácidos grasos son también compuestos importantes en los chiles, ya que esterifican a los pigmentos carotenoides para facilitar su acumulación en los cromoplastos (Matsufuji *et al.*, 1998). Los principales ácidos grasos encontrados en semillas de chiles son linoleico (C18:2), oleico (C18:1), palmítico (C16:0) y esteárico (C18:0), que se encuentran en proporciones similares en las cinco especies de chiles domesticados (Jarret *et al.*, 2013). En el pericarpio del fruto de chile (*C.*

annuum) se encuentran los mismos ácidos grasos que en las semillas, más un porcentaje de ácido linolénico (18:3); Kim *et al.* (2002a) señalan que existe mayor proporción de ácidos grasos no saturados en las semillas que en el pericarpio de frutos de *C. annuum*.

El análisis del contenido de flavonoides en chiles ha sido factor de estudio, y se han observado a quercetina y luteolina como los principales (Howard *et al.*, 2000; Bae *et al.*, 2014). *C. annuum* tiene mayor contenido de quercetina, mientras que *C. frutescens* contiene mayor concentración de luteolina. En chiles habaneros (*C. chinense*) tanto quercetina como luteolina se encuentran en cantidades muy bajas, lo que se asocia a un mayor contenido de capsaicinoides en los frutos (Howard *et al.*, 2000).

Se han hecho diversos estudios para cuantificar el contenido de fitoquímicos en varios tipos y especies de chiles (Rodríguez-Burruezo *et al.*, 2010; Barbero *et al.*, 2014; Bijttebier *et al.*, 2014). Si bien los chiles tipo ancho han sido incluidos en algunos estudios para compararlos con otros tipos de chile (Wall *et al.*, 2001; Hornero-Méndez *et al.*, 2002), no se ha realizado un estudio que incluya a todos los subtipos de chiles anchos nativos de México, ni se conoce si existe una relación entre el contenido y concentración de fitoquímicos con los subtipos de chiles anchos o con las áreas geográficas donde son cultivados, ni se han detectado características con potencial comercial.

Por ello, el objetivo de esta investigación fue hacer una caracterización bioquímica de cinco subtipos de chiles anchos nativos de México, para dilucidar una posible relación en la concentración y tipos de compuestos químicos (capsaicinoides, carotenoides, ácidos grasos, color extraíble y flavonoides) con los subtipos de chiles anchos o con las zonas geográficas de las colectas del germoplasma analizado.

3.3. Materiales y Métodos

3.3.1. Reactivos químicos

Acetato de potasio grado ACS, cloruro de aluminio grado ACS y metanol grado ACS se adquirieron en Fermont (Monterrey, México). Quercetina dihidratada 95 % (3,5,6,3',4'-

pentahidroxi flavona); capsaicina 98 % (8-metil-N-vanilil-trans-6-nonenamida), dihidrocapsaicina 90 % (8-metil-N-vanillilnonenamida), acetonitrilo grado HPLC, hidróxido de potasio, hexano grado HPLC, metanol grado HPLC, t-butil-metil-éter (MTBE) grado HPLC, B-apo-8'-carotenal, β -caroteno, violaxantina (5,6:5',6'-Diepoxy-5,5',6,6'-tetrahidro β -carotene-3,3'-diol), antheraxantina (3R,3'S,5'R,6'S-5',6'-dihidro-5',6'-epoxy- β , β -carotene-3,3'-diol), capsantina ((all-E,3R,3'S,5'R)-3,3'-dihidroxi- β , κ -caroten-6'-one), capsorrubina ((all-E,3S,3'S,5R,5'R)-3,3'-dihidroxi- κ , κ -carotene-6,6'-dione), β -criptoxantina ((R)-all-trans- β -caroten-3-ol), zeaxantina (β , β -caroteno-3-3'-diol), Estándar Universal (C:23:0) y el estándar FAME Mix C8-C2 fueron obtenidos en Sigma-Aldrich (Steinheim, Alemania); metanol (A45-4) y agua grado HPLC, acetona grado ACS se adquirieron en Fisher Scientific (Waltham, USA); ácido acético grado HPLC se obtuvo en Merck Millipore (Darmstadt, Alemania).

3.3.2. Material vegetal

En un estudio previo se evaluó la diversidad genética de 86 poblaciones de chile ancho y se definió una colección representativa constituida por 35 poblaciones. Esta colección núcleo fue utilizada para la caracterización bioquímica de chile Ancho. Las 35 poblaciones nativas pertenecen a cinco subtipos de chiles anchos (Figura 3.1) colectadas en seis estados de México (Cuadro 3.1), se compararon entre sí y con dos híbridos comerciales Capulín y Abedul (Harris Moran Seed Company) como testigos.

3.3.3. Producción de fruto y tratamiento postcosecha

La siembra se llevó a cabo en invernadero en Jerez, Zacatecas, el día 8 de marzo de 2012; dos meses después de la siembra se trasplantaron los materiales en campo a cielo abierto en el Rancho San Felipe, Fresnillo, Zacatecas ubicado a 23° 10' 57" Latitud Norte y 102° 57' 56" Longitud Oeste, a una altitud de 2162 m. La cosecha se realizó en octubre, recolectando un fruto por planta de cinco plantas por población, todos ellos ubicados en la segunda o tercera bifurcación del tallo. Los frutos fueron secados en invernadero con una temperatura promedio de 40° C. La molienda de los cinco frutos con semillas se realizó en una máquina (Krupps GX4100®) para moler café hasta obtener un polvo fino.

Cuadro 3.1. Material genético utilizado para la caracterización bioquímica.

Estado de Colecta	Número de poblaciones	Tipo de chile	Estado de Colecta	Número de poblaciones	Tipo de chile
Guanajuato	3	Mulato	San Luis Potosí	4	Ancho
	2	Ancho		1	Mulato
	2	Cristalino	Puebla	5	Mulato
Zacatecas	6	Ancho		2	Miahuateco
	2	Mulato	Oaxaca	1	Huacle
Durango	5	Ancho	Híbrido Capulín	1	Mulato
	2	Cristalino	Híbrido Abedul	1	Ancho

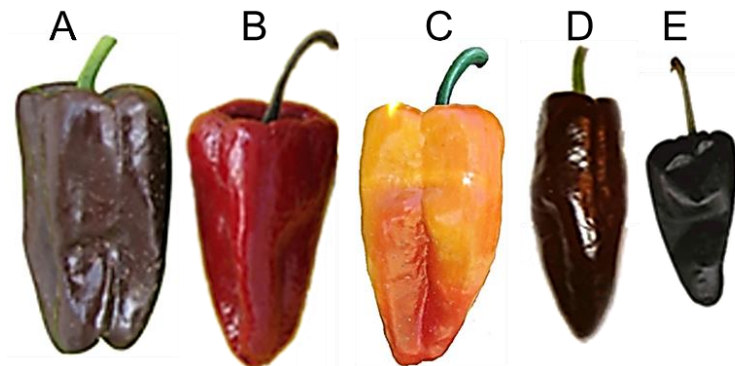


Figura 3.1. Frutos de chiles anchos maduros utilizados en la caracterización bioquímica.

A) Mulato; B) ncho; C) Cristalino; D) Miahuateco; E) Huacle o Chilhuacle (Fuente: Aguilar *et l.*, 2010).

3.3.4. Extracción y cuantificación de flavonoides totales

La extracción de flavonoides se hizo en 25 mg de polvo de chile de cada muestra en un tubo de plástico con tapa, al cual se agregaron 500 μL de metanol al 80 %, para después incubar durante 1 h a 70 °C. Posterior al enfriamiento a temperatura ambiente, los tubos fueron centrifugados a 4500 rpm durante 13 min, para luego extraer una alícuota de 150 μL del extracto metanólico y adicionar 37 μL de metanol al 80 %. De la mezcla generada se tomaron 50 μL , se añadieron 100 μL de acetato de potasio 1M, 100 uL de cloruro de aluminio al 10 % y 4.75 mL de metanol al 80 %, para

dejando reposar durante 40 min para enseguida leer la absorbancia a 415 nm (Meneses-Reyes *et al.*, 2008) en un espectrofotómetro Multiskan (Thermo Scientific®). Los flavonoides totales fueron cuantificados mediante una curva de calibración estándar con la flavona quercetina, en (Chang *et al.*, 2002). Se efectuaron cuatro repeticiones de cada muestra.

3.3.5. Extracción y cuantificación de capsaicinoides

Mediante el método de Collins *et al.* (1995) se obtuvo la extracción de capsaicinoides con cuatro repeticiones. En un frasco de cristal con 10 mL de acetonitrilo (1:10) se colocó 1 g de cada muestra y se incubó en baño maría a 80 °C durante 4 h. Del supernadante se filtraron 2 mL en un vial de cristal con un filtro millipore de 0.45 µm; las muestras fueron guardadas a 5 °C hasta su análisis. Las curvas de calibración se realizaron con capsaicina y dihidrocapsaicina. Las muestras y los estándares fueron cuantificadas en un HPLC (Agilent Hewlett Packard 1100), con una columna Eclipse XDB-C18 4.6 x 150 mm, 3.5 µm rapid resolution (Agilent Technologies). El detector fluorescente se estableció a 280 nm de excitación y 338 nm de emisión. De cada muestra se inyectaron 10 µL a temperatura ambiente. La fase móvil estuvo constituida de 70 % del solvente B (100 % metanol) y 30 % del solvente A (10 % metanol y 90 % agua) en un flujo de corrida de 1 mL min⁻¹ durante 8 min. Los datos obtenidos en partes por millón fueron multiplicados por 16 para cuantificar las unidades de picor (SHU, por sus siglas en inglés) (Krajewska *et al.*, 2006; Bosland *et al.*, 2012).

3.3.6. Cuantificación de color extraíble

La cuantificación del color extraíble se efectuó con la metodología de American Spice Trade Association 20.1 (ASTA, 1997), en tres repeticiones por población. En un matraz se colocaron 80 mg de muestra y 50 mL de acetona, se cerró herméticamente y se agitó. Después de incubar a temperatura ambiente en un cuarto oscuro durante 16 h, el frasco se agitó nuevamente y se dejaron sedimentar las partículas. Del sobrenadante se transfirieron 3 mL en un tubo y se agregaron 3 mL de acetona. Las lecturas fueron registradas a 460 nm de absorbancia en el espectrofotómetro Genesys 10S UV-Vis (Thermo Scientific®). Mediante la siguiente fórmula se obtuvo la cantidad de color extraíble de cada población:

$$\text{Color ASTA} = \frac{\text{Absorbancia de la muestra} \times 16.4 \times 0.996 \text{ (If, factor de corrección del instrumento)}}{\text{Peso de la muestra en gramos}}$$

3.3.7. Extracción y cuantificación de carotenoides

En un tubo de cristal ámbar se colocaron 100 mg de muestra y se agregaron 2 mL de hidróxido de potasio - metanólico 2M (KOH - MeOH), para incubarse a 50 °C en baño seco durante 30 min; después, se agregaron 500 µL de ácido acético al 5 % (CH₃COOH), 1 mL de hexano y 250 µL de agua, mezclando vigorosamente y dejando reposar durante 5 min a temperatura ambiente. Posteriormente se extrajo la fase orgánica en un nuevo vial y se guardó a 4 °C hasta su análisis.

Para el análisis de carotenoides, en un vial se colocaron 50 µL de cada muestra y 50 µL del estándar universal apocarotenal (Beta-apo-8'-carotenal) a 100 ppm. Los viales se colocaron en el HPLC Waters 2695 modelo Alliance y equipado con la columna YMC30, 250 x 4.6 mm. De cada muestra se inyectaron 20 µL en un flujo de corrida de 1 mL min⁻¹ a temperatura ambiente; el gradiente lineal consistió de MeOH/MTBE/H₂O (6:90:4) del solvente B y MeOH/MTBE/H₂O (81:15:4) del solvente A; el tiempo de corrida fue de 50 min por muestra. El detector fluorescente se estableció a 450 nm. Los estándares de referencia considerados fueron violaxantina, anteraxantina, capsantina, capsorrubina, β -criptoxantina, zeaxantina y β-caroteno. La identificación y cuantificación de los carotenoides se obtuvo con base en los estándares, el tiempo de retención y su espectro de absorción UV-VIS.

3.3.8. Perfil de ácidos grasos

Con el mismo extracto de carotenoides se cuantificó el contenido de ácidos grasos en las poblaciones. En un vial fueron colocados 50 µL del extracto de cada muestra y 50 µL del estándar internacional (C:23:0) a 50 ppm. EL análisis del contenido de ácidos grasos se llevó a cabo en un cromatógrafo de gases Varian 3800 modelo Saturn 2000R, equipado con una columna Agilent DB - 23, 30 m de largo x 25 mm de diámetro x 0.25 µm de espesor de la película. De cada muestra se inyectó 1 µL con flujo constante en una temperatura inicial de 50 °C y una temperatura final de 240 °C durante 6 min; el tiempo total de corrida fue de 15.8 min por muestra, utilizando helio

como gas portador. La identificación de picos y cuantificación de ácidos grasos se obtuvo con base en el estándar FAME Mix C8-C24.

3.3.9. Análisis estadístico

Con el modelo del diseño experimental Completamente al Azar se realizó un análisis de varianza mediante el paquete estadístico SAS versión 9.3 (SAS Institute, 2011). Derivado de la cuantificación de los metabolitos secundarios y la cantidad de color extraíble se obtuvieron 29 variables (Cuadro 4A de los Anexos), a las cuales se les efectuó un análisis de correlaciones para descartar variables correlacionadas ($r^2 \geq 0.7$). Las 15 variables que se utilizaron para realizar el análisis de componentes principales fueron: flavonoides (mg kg^{-1}), capsaicina (SHU), dihidrocapsaicina (SHU), color extraíble (ASTA), cantidad de ácidos grasos ($\mu\text{g mL}^{-1}$), β -criptoxantina (%), anteraxantina (%), violaxantina (%), fracción amarilla (%), suma de los carotenoides caroteno, criptoxantina, anteraxantina, zeaxantina, violaxantina), fracción roja (%), suma de capsantina y capsorrubina) y los ácidos miristoléico, palmítico, palmitoleico, esteárico, linoleico (%). Con este conjunto de variables se realizó también un análisis de componentes principales con la matriz de correlaciones, y un análisis de agrupamiento utilizando distancias Euclidianas (Cuadro 5A de los Anexos) y el método de medias aritméticas no ponderadas (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic mean, UPGMA), para descubrir si existen relaciones de similitud entre las poblaciones nativas de chiles anchos de México de acuerdo con el subtipo de chile ancho o el lugar de procedencia.

3.4. Resultados y Discusión

3.4.1. Flavonoides

La concentración de flavonoides en cada población evaluada se muestra en la Figura 3.2. El contenido de quercetina varió ampliamente entre y dentro de poblaciones, con un promedio general de 203 mg kg^{-1} . En función de su procedencia geográfica, una población de Zacatecas fue la que presentó mayor contenido (370 mg kg^{-1}), mientras que una población de chile mulato de Puebla

sólo tuvo 92 mg kg⁻¹. Los híbridos evaluados mostraron una concentración de 269 (mulato) y 188 (ancho) mg kg⁻¹.

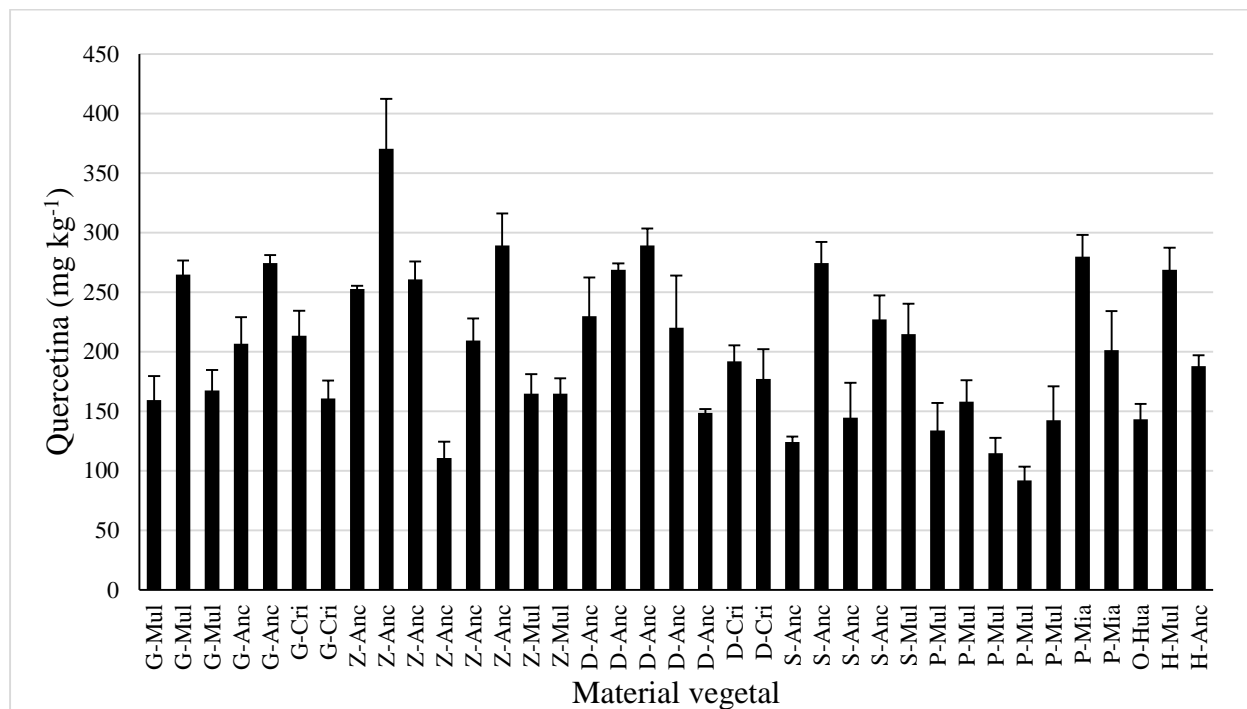


Figura 3.2. Contenido de flavonoides totales (quercetina en mg kg⁻¹) en materia seca de chiles anchos nativos de México y sus testigos.

Tipos de chiles (Mul: mulato; Anc: ancho; Cri: cristalino; Mia: miahuateco; Hua: huacle). Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; D: Durango; S: San Luis Potosí; P: Puebla; O: Oaxaca), H: híbrido. Desviación estándar: líneas verticales sobre cada columna.

Por subtipos de chile ancho, las poblaciones de chile miahuateco fueron las que mostraron mayor concentración de flavonoides, con 241 mg kg⁻¹, mientras que los chiles mulatos sólo tuvieron 162 mg kg⁻¹ en promedio. En los chiles anchos de México se detectaron algunas poblaciones con concentraciones de quercetina mayores a las reportadas en otros estudios con chile. Lee *et al.* (2005) encontraron concentraciones menores a 186 µg g⁻¹ en peso fresco de *C. annuum* y *C. chinense*; en el estudio de Meckelmann *et al.* (2013) la concentración máxima fue de 266 mg kg⁻¹, y de 86 µg g⁻¹ en el estudio de Bae *et al.* (2014); tales concentraciones fueron influenciadas por el tipo de cultivar, el estado de madurez, los años de siembra, y la interacción genotipo-ambiente.

Aun cuando la concentración de flavonoides en los chiles anchos es poca en comparación con otros cultivos como cebolla morada o caléndula, la identificación de genotipos con concentraciones aceptables de este compuesto es de importancia por su contenido nutracéutico, al considerar que en México el consumo de chiles es bastante elevado.

3.4.2. Capsaicinoides

A pesar de que los chiles anchos son comercializados por su bajo grado de picor, se encontró variación en el contenido total de capsaicinoides, capsaicina y dihidrocapsaicina, como se muestra en la Figura 3.3. A los chiles anchos se les ha disminuido el contenido de picor como parte del proceso de domesticación, ya que son consumidos en fresco o secos para la preparación de moles; contrario a lo que pasa con chiles silvestres, cuyas altas concentraciones de picor obedecen a un proceso de evolución para proteger la especie del consumo de frutos por mamíferos que no dispersan la semilla, caso contrario a lo que sucede con las aves (Tewksbury *et al.*, 2001).

En general, fueron en las poblaciones colectadas en Puebla donde se observó mayor nivel de picor (3294 SHU en promedio), y la concentración más alta se encontró en una población de este estado, con 7022 SHU. Las concentraciones de picor más altas en los chiles procedentes de este estado se deben a la selección que los productores han hecho sobre estas poblaciones, ya que en esta parte del país se prefieren chiles anchos picosos.

Las poblaciones de Zacatecas, Durango y San Luis Potosí mostraron valores promedio menores a 852 SHU. Los híbridos también son de bajo picor, con un promedio de 556 SHU. Los compuestos principales que le confieren picor a los chiles son capsaicina y dihidrocapsaicina (Kim *et al.*, 2012b; Walker *et al.*, 2004). Sin embargo, se han reportado variaciones en la relación entre el contenido de capsaicina y dihidrocapsaicina, que en *C. annuum* se encuentran en un intervalo desde 0.92:1 hasta 2.59:1 (Deng *et al.*, 2009; Ziino *et al.*, 2009; Zaki *et al.*, 2013). En esta investigación los chiles anchos nativos de México presentaron una relación de 1.7:1 (capsaicina:dihidrocapsaicina).

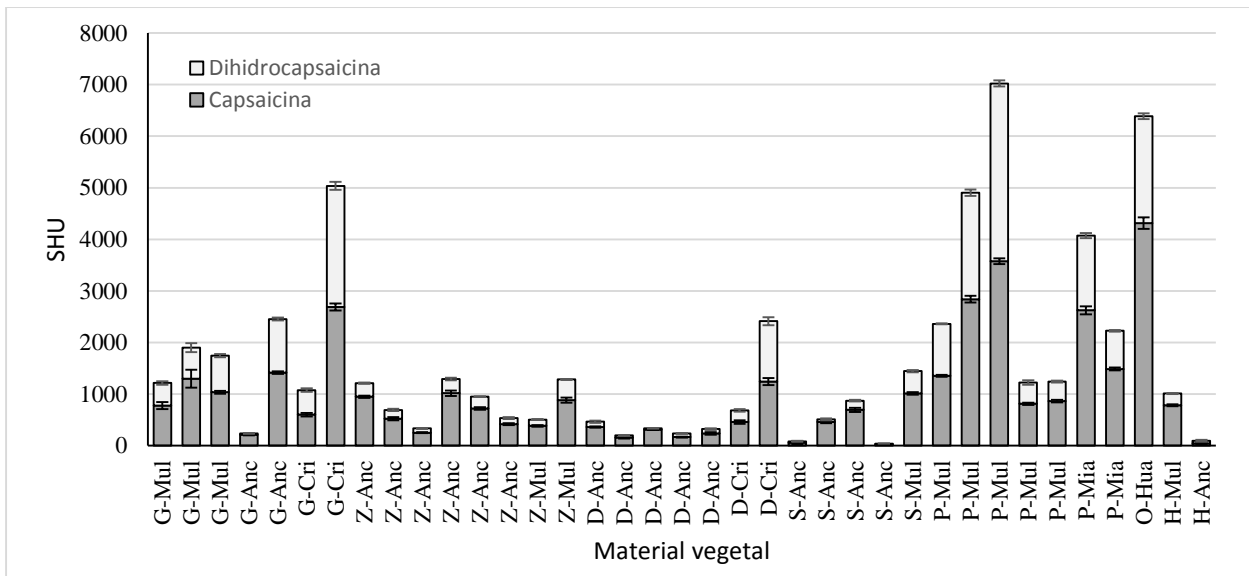


Figura 3.3. Contenido total de picor con base en capsaicina y dihidrocapsaicina en chiles anchos nativos de México.

Tipos de chiles (Mul: mulato; Anc: ancho; Cri: cristalino; Mia: miahuateco; Hua: huacle). Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; D: Durango; S: San Luis Potosí; P: Puebla; O: Oaxaca), H: híbrido. Desviación estándar: líneas verticales sobre cada columna.

3.4.3. Color extraíble

La cantidad de color extraíble presente en las poblaciones nativas de chiles anchos se muestra en la Figura 3.4. La extracción de oleorresinas es obtenida a partir de materiales con alto contenido de unidades ASTA, con alto porcentaje de materia seca y bajo nivel de picor (Walker *et al.*, 2004). En este estudio la cantidad de color extraíble fue de 144.8 unidades en promedio; en el híbrido ancho se encontró la mayor cantidad de coloración, con 195.4 unidades, seguido de dos poblaciones de chiles anchos de Durango y una de chile mulato de Zacatecas, con valores de 193.4, 190.0 y 184.9 unidades, respectivamente. Estos materiales, además de contener los valores más altos de coloración, también tuvieron poca concentración de picor, con 96, 239, 338 y 506.7 SHU, respectivamente.

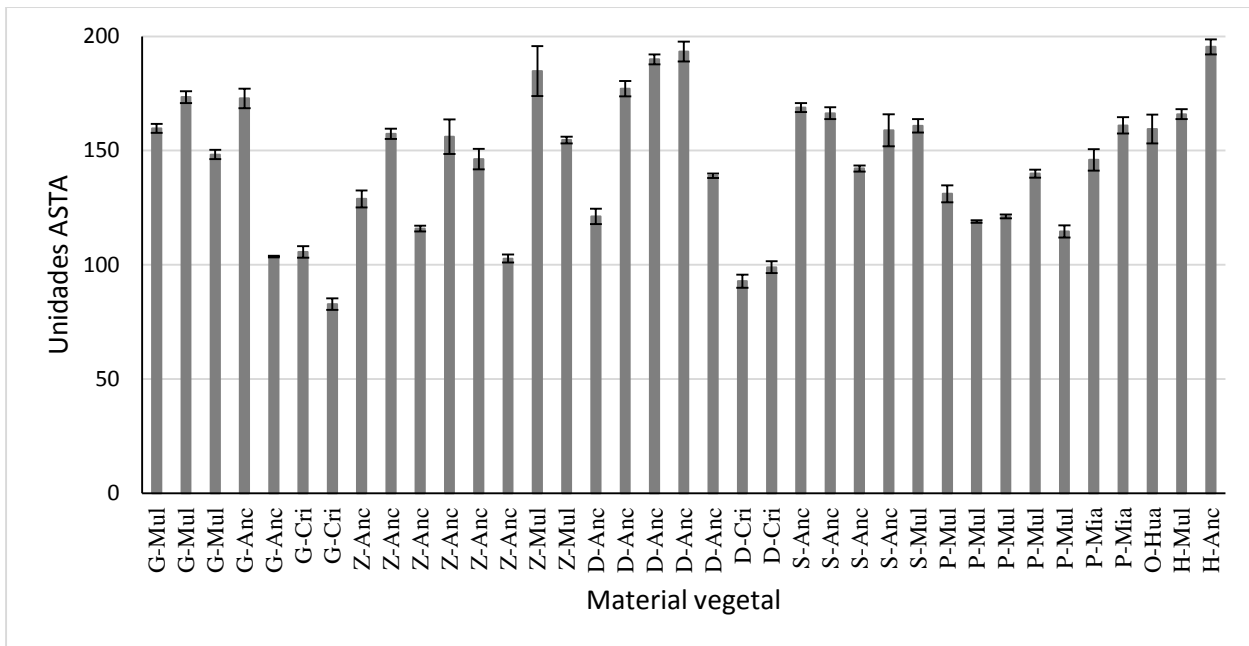


Figura 3.4. Cantidad de color extraíble en las poblaciones nativas de chiles anchos de México. Tipos de chiles (Mul: mulato; Anc: ancho; Cri: cristalino; Mia: miahuateco; Hua: huacle). Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; D: Durango; S: San Luis Potosí; P: Puebla; O: Oaxaca), H: híbrido. Desviación estándar: líneas verticales sobre cada columna.

Los datos obtenidos para chiles anchos de México ofrecen una oportunidad para practicar mejoramiento genético enfocado a aumentar la concentración de coloración con las poblaciones con maduración en rojo, ya que se obtuvieron valores mayores a los reportados en otros chiles de tipo paprika, pero menores a 300 unidades ASTA reportadas en la variedad mejorada “NuMex Garnet” (Walker *et al.*, 2004). En un estudio con chiles de Corea, el valor superior obtenido fue de 124 unidades ASTA (Kim *et al.*, 2002b). En paprikas de España el valor máximo obtenido fue de 150 unidades (García *et al.*, 2007), en chiles de Perú el máximo valor encontrado fue de 146 unidades de color en *C. annuum* (Meckelmann *et al.*, 2013), y en paprikas de Marruecos encontraron como valor máximo 136 unidades (Zaki *et al.*, 2013).

Las poblaciones de chile cristalino fueron las que mostraron menor coloración, con 95.1 unidades ASTA en promedio. Al respecto, estos chiles pasan por un proceso de maduración diferente ya que cambian de verde limón a amarillo, después a naranja y finalmente a rojo; quizá debido a ello

la acumulación de coloración roja fue escasa, a diferencia de los mulatos y miahuatecos que cambian de verde a chocolate, y de los anchos que cambian de verde a rojo.

3.4.4. Perfil de ácidos grasos

En la Figura 3.5 se muestra el perfil de ácidos grasos encontrados en las poblaciones nativas de chiles anchos de México (el ácido miristoleico no fue graficado). Diez ácidos grasos fueron encontrados en los chiles anchos: ácido láurico (C12:0) con participación de 0.6 a 3.9 %, ácido mirístico (C14:0) de 2.5 a 9.8 %, ácido miristoleico (C14:1) de 0.0 a 0.2 %, ácido palmítico (C16:0) de 22.9 a 36.4 %, ácido palmitoleico (C16:1) de 1.1.8 a 2.2 %, ácido esteárico (C18:0) de 4.2 a 8.1 %, ácido oleico (C18:1n9c) de 15.2 a 47.1 %, ácido linoleico (C18:2n6c) de 2.1 a 13.0 %, ácido α -linolénico (C18:3n3) de 12.3 a 29.3 % y ácido araquídico (C20:0) de 0.6 a 2.1 %. Los ácidos grasos que se presentaron en mayor proporción fueron (en orden descendente): ácido oleico, palmítico, linolénico, esteárico y mirístico, que en conjunto contribuyen con 90.7 % del total de ácidos grasos; en contraste, los ácidos α -linolénico, láurico, palmitoleico, araquídico y mirístico únicamente sumaron 9.3 % del total de ácidos grasos. La relación entre los ácidos grasos insaturados (56.9 %) y saturados (43.1 %) fue de 1.3:1.

Resultados similares se han reportado en otros estudios, en los cuales los ácidos linoléico, palmítico, oleico y esteárico fueron los principales compuestos encontrados en frutos y semillas de chiles de *C. annuum*, los cuales aportaron más del 90 % del contenido total de ácidos grasos, con el ácido linoleico como el principal ácido graso reportado para chiles (Matthäus *et al.*, 2009; Kwon *et al.*, 2011; Zaki *et al.*, 2013). Los ácidos grasos linoleico, palmítico, oleico y esteárico son compuestos importantes que se encuentran en las semillas y pericarpio de los chiles. Los ácidos grasos poliinsaturados son esenciales para la salud humana, ya que estos compuestos no son sintetizados por el cuerpo y necesitan ser incorporados en la dieta (Yu *et al.*, 2005). El ácido palmitoleico, aunque presente en poca cantidad, también mostró variación en chiles anchos; este compuesto se ha detectado en otros chiles de colores rojo, naranja, amarillo y verde, también en una proporción menor al 2 % (Guil-Guerrero *et al.*, 2006). En los chiles anchos las mayores concentraciones se encontraron en los chiles mulatos.

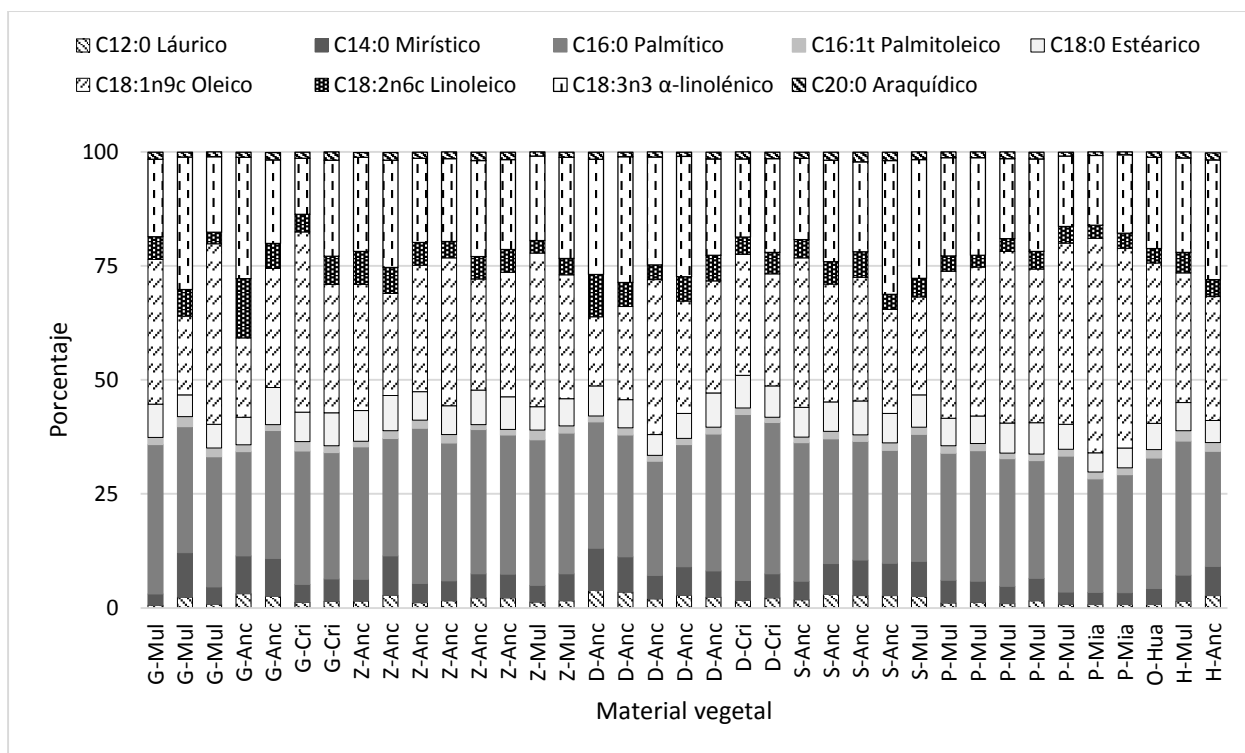


Figura 3.5. Composición porcentual del perfil de ácidos grasos en frutos secos de chiles anchos de México. Tipos de chiles (Mul: mulato; Anc: ancho; Cri: cristalino; Mia: miahuateco; Hua: huacle). Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; D: Durango; S: San Luis Potosí; P: Puebla; O: Oaxaca), H: híbrido.

3.4.5. Carotenoides

Se identificaron más de 64 % de los carotenoides presentes en las poblaciones nativas de chiles anchos. La Figura 3.6 muestra los datos obtenidos para siete carotenoides identificados. Capsantina fue el principal con un promedio de 35 % de la composición total. Los otros compuestos se presentaron en menor proporción. En promedio se obtuvo 13 % para anteraxantina, 7 % para zeaxantina, 5.4 % para β -caroteno y β -criptoxantina, 2.2 % para violaxantina, y 1.2 % para capsorrubina. Estos resultados concuerdan con lo reportado por otros autores, en el sentido de que capsantina es el principal compuesto detectado en chiles rojos (Topuz *et al.*, 2011; Rodríguez-Uribe *et al.*, 2012; Giuffrida *et al.*, 2013); mientras que en chiles con maduración en naranja los principales compuestos identificados han sido violaxantina y zeaxantina (Guzman *et al.*, 2010;

Rodriguez-Uribe *et al.*, 2012) y en chiles blancos y verdes el compuesto con mayor concentración es luteína (Giuffrida *et al.*, 2013).

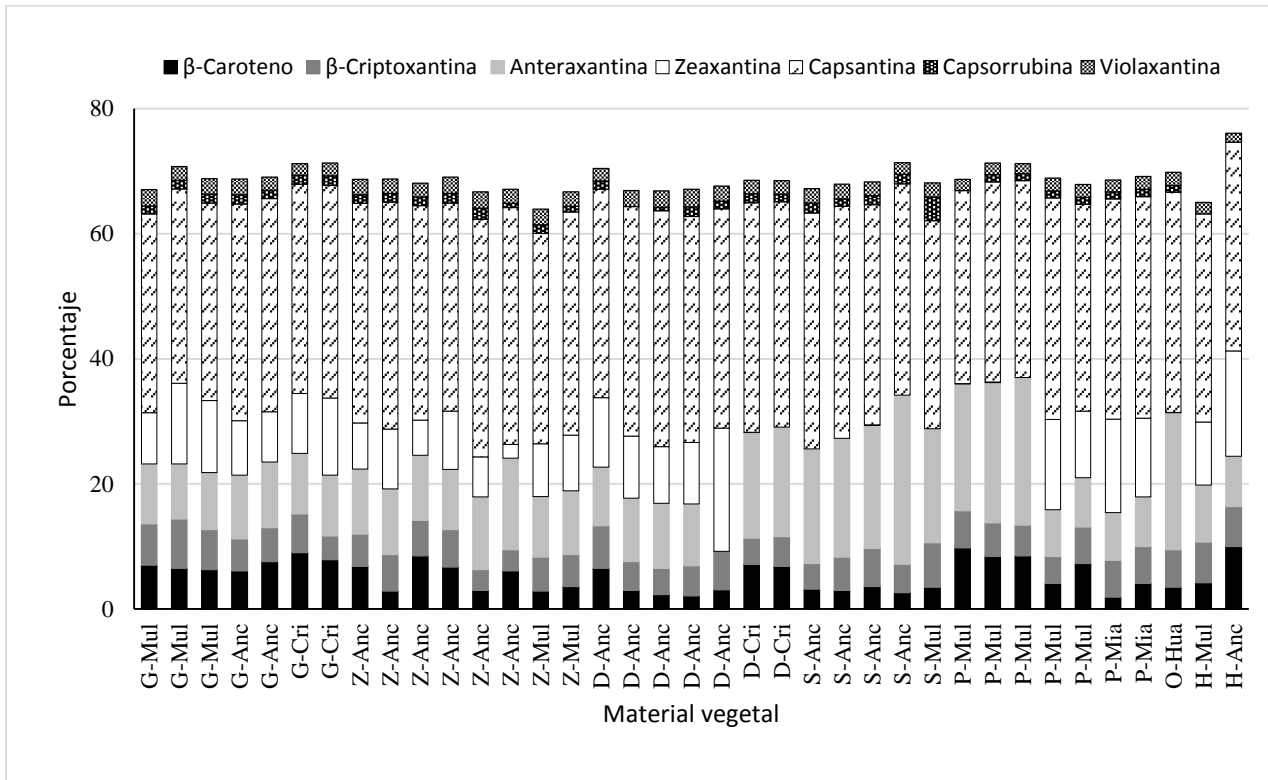


Figura 3.6. Composición porcentual del contenido de carotenoides en chiles anchos nativos de México.

Tipos de chiles (Mul: mulato; Anc: ancho; Cri: cristalino; Mia: miahuateco; Hua: huacle). Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; D: Durango; S: San Luis Potosí; P: Puebla; O: Oaxaca), H: híbrido.

Los chiles son una buena fuente de carotenos y xantofilas, aunque pueden variar en composición y concentración debido a diferencias genéticas y grados de madurez (Zaki *et al.*, 2013). La concentración de carotenoides aumenta durante la maduración del fruto (Menichini *et al.*, 2009; Rodriguez-Uribe *et al.*, 2012). En chiles rojos la concentración de capsantina aumenta durante el proceso de maduración, mientras que la concentración de violaxantina disminuye (Zaki *et al.*, 2013). En la composición del color de los chiles rojos se han detectado más de 50 diferentes estructuras (Giuffrida *et al.*, 2013; Cervantes-Paz *et al.*, 2014). La fracción roja contiene pigmentos propios del género *Capsicum* (capsantina, capsorrubina y capsantina 5-6 epóxido), y la fracción

amarilla comprende a los pigmentos zeaxantina, violaxantina, anteraxantina, β -caroteno, β -criptoxantina y cucurbitaxina A (Hornero-Méndez *et al.*, 2000). En chiles anchos la fracción roja (capsantina y capsorrubina) conformaron 36 % del total de carotenoides, mientras que la fracción amarilla está compuesta por el resto de los compuestos, con 33 %; la relación entre la fracción roja y la amarilla fue de 1.10:1.

3.4.6. Relación química entre poblaciones

Los primeros cinco componentes principales explicaron 78 % de la variación total, como se muestra en el Cuadro 3.2. Las variables que tuvieron mayor influencia sobre estos cinco componentes principales fueron: dos de contenido de picor, color extraíble, cinco de carotenoides y cinco de ácidos grasos; sin embargo, las variables de picor y la proporción de la fracción roja (capsantina y capsorrubina) y fracción amarilla fueron las de mayor importancia para conformar el primer componente principal, que explica 28 % de la variación total. Estas variables se eligieron con valores de vectores propios mayores a $|0.35|$ (Cuadro 6A de los Anexos).

Cuadro 3.2. Primeros cuatro componentes principales, la variación que explican y las variables que mostraron mayor influencia para cada componente principal.

Componente Principal	Variación explicada (%)	Principales variables para cada componente
1	28.0	Capsaicina, dihidrocapsaicina, fracción roja y fracción amarilla.
2	19.4	β -Criptoxantina, ácido palmitoleico y color extraíble.
3	14.6	Ácido grasos totales y ácido mirístico.
4	9.3	Ácido palmítico.
5	6.7	Ácido linoleico, anteraxantina y violaxantina.

La dispersión de las poblaciones a través de los primeros dos componentes principales se muestra en la Figura 3.7. Los chiles anchos-rojos (puntos azules) se ubicaron en su mayoría en los cuadrantes II y III; estos chiles muestran un menor contenido de picor tanto de capsaicina como dihidrocapsaicina; además, muestran una mayor concentración de carotenoides que conforman la fracción roja (capsantina y capsorrubina), y por lo tanto, los compuestos carotenoides de la fracción

amarilla se encuentran en menor grado. Caso contrario son los chiles mulatos, miahuatecos y huacle, que se ubican en los cuadrantes I y IV, los cuales muestran mayor contenido de picor y menor concentración de carotenoides de la fracción roja. Los chiles cristalinos ubicados en su mayoría en el extremo inferior de los cuadrantes III y IV tienen poca concentración de β -criptoxantina, ácido palmítico y color extraíble. Los híbridos que se encuentran en el cuadrante I, marcados con una flecha roja, poseen mayor concentración de estos dos compuestos y color extraíble.

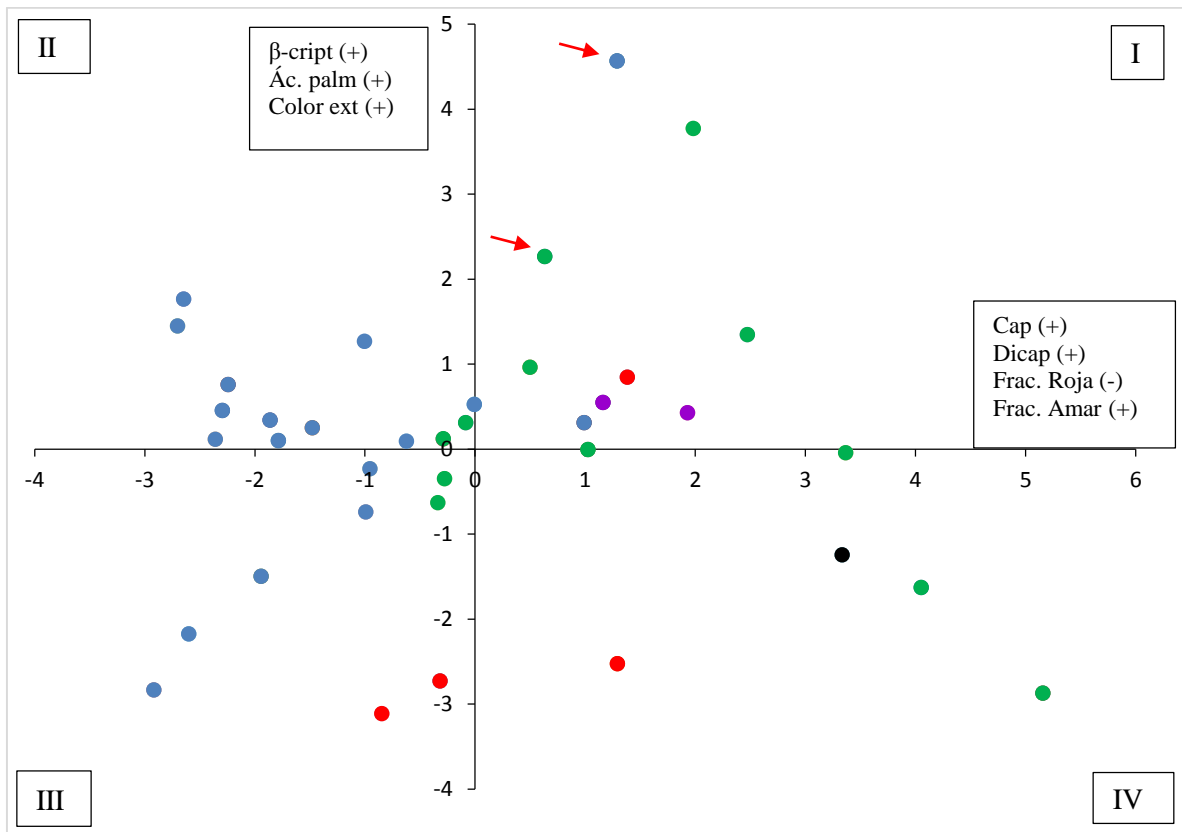


Figura 3.7. Dispersión de las poblaciones nativas de chiles anchos de México a través de los primeros dos componentes principales.

Variables asociadas a los primeros dos componentes principales (Cap: capsaicina, Dicap: dihidrocapsaicina, Frac. Roja: fracción roja, Frac. Amar: fracción amarilla, β -cript: β -criptoxantina, Ac. palm: ácido palmítico, Color ext: color extraíble).

Punto azul: ancho, punto verde: mulato, punto rojo: cristalino, punto morado: miahuateco, punto negro: huacle.

Aunque en muchas investigaciones se ha mencionado que el contenido de fitoquímicos en chiles es una característica altamente influenciada por el ambiente, por el tipo de cultivar y por el estado de maduración (Menichini *et al.*, 2009; Bae *et al.*, 2014; Barbero *et al.*, 2014; Cervantes-Paz *et al.*, 2014), y por tanto, no se ha encontrado una relación entre la composición química y el tipo de chile; sin embargo, en este estudio se logró diferenciar a los chiles anchos de acuerdo con los tipos analizados; es decir, se logró diferenciar los chiles anchos de los mulatos y cristalinos en función de su composición química.

En la Figura 3.8 se muestra el dendrograma obtenido con el método de agrupamiento UPGMA y distancias euclidianas. Se formaron tres grupos, más tres poblaciones que no formaron parte de ninguna agrupación. En el grupo I se ubicaron 14 poblaciones que en su mayoría fueron chiles mulatos y las dos poblaciones de chiles miahuatecos; esta agrupación presenta una concentración de 934 SHU para capsaicina, 457 SHU para dihidrocapsaicina, 148 unidades de color extraíble, 103 $\mu\text{g mL}^{-1}$ de ácidos grasos y 35 % de capsantina y capsorrubina (fracción roja). El grupo II está integrado por 13 poblaciones de chiles anchos, dos de chiles cristalinos y una de chile mulato; este grupo tiene 562 SHU de capsaicina, 260 SHU de dihidrocapsaicina, 144 unidades ASTA, 74 $\mu\text{g mL}^{-1}$ de ácidos grasos, 37 % de los carotenoides capsantina y capsorrubina. El grupo III se conformó por tres poblaciones de chiles mulatos de Puebla y el chile huacle de Oaxaca; el grupo se distingue por presentar 3022 SHU de capsaicina, 2197 SHU de dihidrocapsaicina, 133 unidades de color extraíble, 121 $\mu\text{g mL}^{-1}$ de ácidos grasos y 33 % de capsantina y capsorrubina.

Las tres poblaciones individuales fueron el híbrido ancho rojo, una población de chile ancho y una de chile cristalino, ambas poblaciones de Guanajuato. El híbrido ancho rojo quedó en posición al origen, el cual muestra un bajo contenido de picor y ácidos grasos, y alto contenido de color extraíble. El chile cristalino de Guanajuato contiene muy poco color extraíble y de ácidos grasos, y una concentración media de capsaicina y dihidrocapsaicina, 2692 SHU y 2344 SHU, respectivamente. El chile ancho de Guanajuato mostró poca concentración de picor, baja concentración de ácidos grasos y alta cantidad de color extraíble.

La diferenciación de los tipos de chiles anchos estuvo relacionada con: i) La concentración de compuestos capsainoides muestra variación entre los tipos de chiles anchos analizados, con la

mayor concentración encontrada en los chiles mulatos de Puebla y huacle de Oaxaca, seguido por los chiles mulatos del norte del país, y la menor proporción en los chiles anchos y la mayoría de los cristalinos. ii) La proporción de coloración roja (capsantina y capsorrubina: fracción roja) también varió entre colectas, encontrando la mayor proporción en los chiles anchos y cristalinos, seguida por los mulatos del norte de México; esto indica que la retención de clorofila por parte de los chiles mulatos no afecta la acumulación de los carotenoides capsantina y capsurrubina (Hornero-Méndez *et al.*, 2002). iii) La cantidad de color extraíble fue mayor en el híbrido rojo, lo que permitió su separación de los grupos; las concentraciones más bajas se encontraron en los chiles cristalinos.

Los escasos estudios sobre la diversidad bioquímica en chiles utilizando metabolitos semipolares y compuestos volátiles han permitido diferenciar accesiones de las especies *C. annuum*, *C. chinense*, *C. baccatum* y *C. frutescens* (Wahyuni *et al.*, 2013); Eggink *et al.* (2012) también lograron diferenciar genotipos de *C. annuum* con maduración de fruto diferente (amarillo, naranja y rojo) mediante diversos metabolitos secundarios. En el presente estudio, los compuestos químicos analizados permitieron diferenciar a los chiles anchos de acuerdo al tipo de chile. Además, permitió agupar a algunas poblaciones con base en su sitio de procedencia, como algunos chiles mulatos de Puebla y el huacle de Oaxaca.

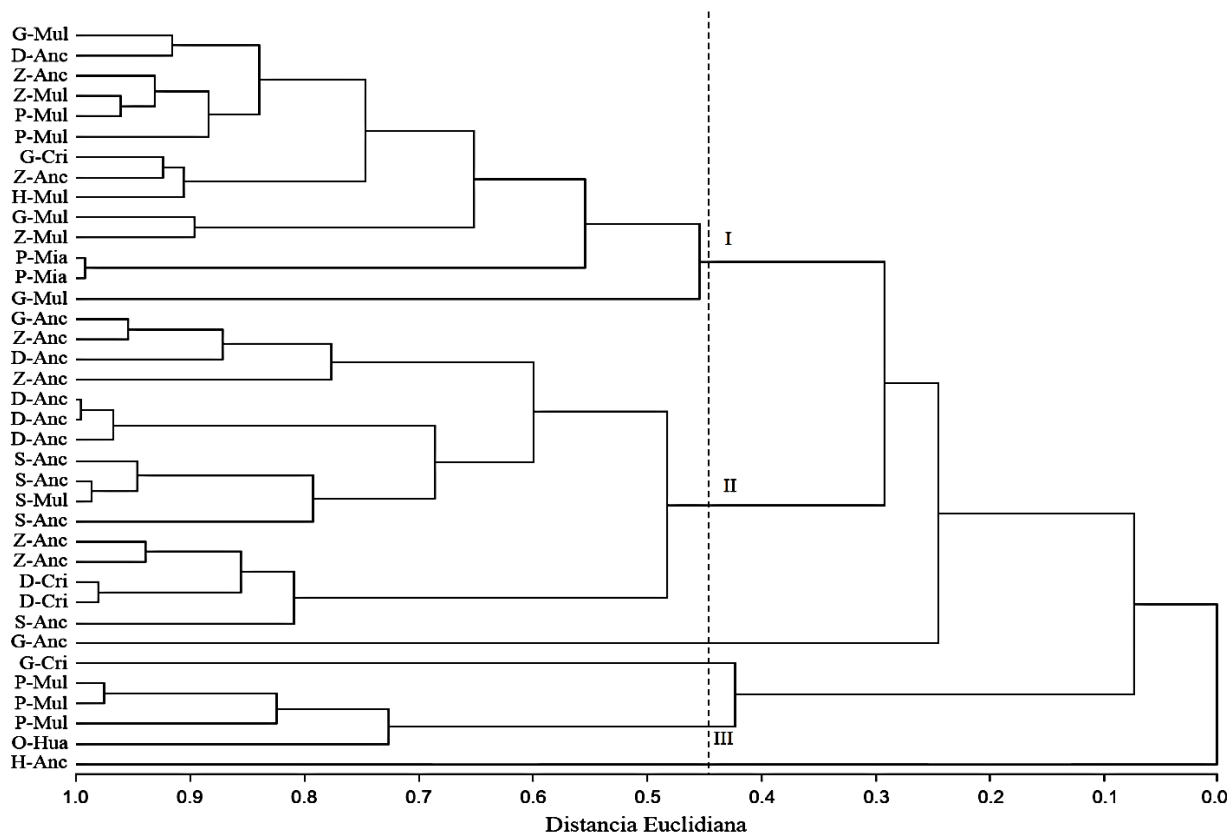


Figura 3.8. Dendrograma de las poblaciones nativas de chiles anchos de México utilizando distancias euclidianas y el método de agrupamiento UPGMA.

Tipos de chiles (Mul: mulato; Anc: ancho; Cri: cristalino; Mia: miahuateco; Hua: huacle). Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; D: Durango; S: San Luis Potosí; P: Puebla; O: Oaxaca), H: híbrido.

3.5. Conclusiones

Las poblaciones de chiles anchos nativas de México mostraron amplia variación bioquímica, principalmente en contenido de capsaicina y dihidrocapsaicina, así como en compuestos carotenoides y ácidos grasos. Las poblaciones de chiles mulatos, miahuatecos y huacle se diferenciaron de los subtipos con maduración en color rojo (cristalinos y anchos). No se logró diferenciación clara entre los materiales con base en su procedencia; sin embargo, algunas poblaciones de chiles mulatos de Puebla y el chile huacle de Oaxaca mostraron diferenciación con respecto a los otros estados de colecta. Se detectaron dos materiales de chiles anchos rojos de Durango y una de chile mulato de Zacatecas con potencial para realizar mejoramiento genético

enfocado a incrementar la cantidad de color extraíble, los mismos genotipos que mostraron también poco contenido de picor.

Agradecimientos

A la Red Nacional de Chile de México, por proporcionar la semilla para este estudio, y al Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura de México, por financiar esta investigación. Asimismo, al Dr. Marcos Soto Hernández, a la Dra. Mariana Palma Tenango y a la Dra. María del Carmen Mendoza Castillo del Colegio de Postgraduados Campus Montecillo, por el apoyo en la cuantificación de flavonoides. Igualmente, a la M.Sc. Li Jiang, M.Sc. Barry Dungan y Luz Hernández de la Universidad Estatal de Nuevo México, Las Cruces, por el apoyo brindado en la cuantificación de capsaicinoides, color extraíble y carotenoides.

3.6. Literatura Citada

- Aguilar R., V. H; Corona T., T.; López L., P.; Latournerie M., L.; Ramírez R., M.; Villalón M., H.; Aguilar C., J. A. 2010. Los chiles de México y su distribución. SINAREFI. Colegio de Postgraduados, INIFAP, IT-Conkal, UANL, UAN. Estado de México, México.
- American Spice Trade Association. 1997. *Official Analytical Methods of the American Spice Trade Association*. 4th ed.; ASTA: Englewood Cliffs, NJ.
- Bae, H.; Jayaprakasha, G. K.; Crosby, K.; Yoo, K. S.; Leskovar, D. I.; Jifon J.; Patil, B. S. 2014. Ascorbic acid, capsaicinoid, and flavonoid aglycone concentrations as a function of fruit maturity stage in greenhouse-grown peppers. *J. Food Comp. Anal.* 33: 195-202.
- Barbero, G. F.; Ruiz, A. G.; Liazid, A.; Palma, M.; Vera, J. C.; Barroso, C. G. 2014. Evolution of total and individual capsaicinoids in peppers during ripening of the Cayenne pepper plant (*Capsicum annum* L.). *Food Chem.* 153: 200-206.
- Bijttebier, S.; Zhani, K.; D'Hondt, E.; Noten, B.; Hermans, N.; Apers, S.; Voorspoels, S. 2014. Generic characterization of apolar metabolites in red chili peppers (*Capsicum frutescens* L.) by orbitrap mass spectrometry. *J. Agric. Food Chem.* 62: 4812-4831.

- Bosland, P. W.; Coon, D.; Reeves, G. 2012. 'Trinidad Moruga Scorpion' pepper is the world's hottest measured chile pepper at more than two million Scoville Heat Units. *HortTechnology* 22: 534-538.
- Bosland, P. W.; Votava, E. J. 2012. Peppers. Vegetable and Spice Capsicums. Vol. 22. Crop Production Science in Horticulture. 2nd ed.; CABI: Cambridge, UK.
- Cervantes-Paz, B.; Yahia, E. M.; Ornelas-Paz, J. J.; Victoria-Campos, C. I.; Ibarra-Junquera, V.; Pérez-Martínez, J. D.; Escalante-Minakata, P. 2014. Antioxidant activity and content of chlorophylls and carotenoids in raw and heat-processed Jalapeño peppers at intermediate stages of ripening. *Food Chem.* 146: 188-196.
- Chang, C.-C.; Yang, M.-H.; Wen, H.-M.; Chern, J.-C. 2002. Estimation of total flavonoid content in propolis by two complementary colorimetric methods. *J. Food and Drug Analysis* 10: 178-182.
- Cisneros-Pineda, O.; Torres-Tapia, L. W.; Gutiérrez-Pacheco, L. C.; Contreras-Martín, F.; González-Estrada, T.; Peraza-Sánchez, S. R. 2007. Capsaicinoids quantification in chili peppers cultivated in the state of Yucatan, Mexico. *Food Chem.* 104: 1755-1760.
- Collins, M. D.; Wasmund, L. M.; Bosland, P. W. 1995. Improved method for quantifying capsaicinoids in *Capsicum* using High-Performance Liquid Chromatography. *Hortscience* 30: 137-139.
- Deng, M.; Wen, J.; Zhu, H.; Zou, X. 2009. The hottest pepper variety in China. *Genet. Resour. Crop. Evol.* 56: 605-608.
- Eggink, P. M.; Maliapaard, C.; Tikunov, Y.; Haanstra, J. P. W.; Bovy, A. G.; Visser, R. G. F. 2012. A taste of sweet pepper: Volatile and non-volatile chemical composition of fresh sweet pepper (*Capsicum annuum*) in relation to sensory evaluation of taste. *Food Chem.* 132: 301-310.
- García, M. I.; Lozano, M.; Montero de E., V.; Ayuso, M. C.; Bernalte, M. J.; Vidal-Aragón, M. C.; Pérez, M. M. 2007. Agronomic characteristics and carotenoid content of five Bola-type paprika red pepper cultivars. *Sci. Hort.* 113: 202-207.
- Giuffrida, D.; Dugo, P.; Torre, G.; Bignardi, C.; Cavazza, A.; Corradini, C.; Dugo, G. 2013. Characterization of 12 *Capsicum* varieties by evaluation of their carotenoid profile and pungency determination. *Food Chem.* 140: 794-802.

- Guil-Guerrero, J. L.; Martínez-Guirado, C.; Reboloso-Fuentes, M. M.; Carrique-Pérez, A. 2006. Nutrient composition and antioxidant activity of 10 pepper (*Capsicum annuum*) varieties. *Eur. Food Res. Technol.* 224: 1-9.
- Guzman, I.; Hamby, S.; Romero, J.; Bosland, P. W.; O'Connell, M. A. 2010. Variability of carotenoid biosynthesis in orange colored *Capsicum* spp. *Plant Sci.* 179: 49-59.
- Hornero-Méndez, D.; Costa-García, J.; Mínguez-Mosquera, M. I. 2002. Characterization of carotenoid high-producing *Capsicum annuum* cultivars selected for paprika production. *J. Agric. Food Chem.* 50: 5711-5716.
- Hornero-Méndez, D.; Gomez-Ladrón de Guevara, R.; Mínguez-Mosquera, M. I. 2000. Carotenoid biosynthesis changes in five red pepper (*Capsicum annuum* L.) cultivars during ripening. Cultivar selection for breeding. *J. Agric. Food Chem.* 48: 3857-3864.
- Howard, L. R.; Talcott, S. T.; Brenes, C. H.; Villalon, B. 2000. Changes in phytochemical and antioxidant activity of selected pepper cultivars (*Capsicum* species) as influenced by maturity. *J. Agric. Food Chem.* 48: 1713-1720.
- Jarret, R. L.; Levy, I. J.; Potter, T. L.; Cermak, S. C. 2013. Seed oil and fatty acid composition in *Capsicum* spp. *J. Food Comp. Anal.* 30: 102-108.
- Kim, S.; Park, J.; Hwang, K. I. 2002a. Changes in FA composition and antioxidative activity of pigment extracts from Korean red pepper powder (*Capsicum annuum* L.) due to processing conditions. *JAOCs.* 79: 1267-1270.
- Kim, S.; Park, J.-B.; Hwang, I.-K. 2002b. Quality attributes of various varieties of Korean red pepper powders (*Capsicum annuum* L.) and color stability during sunlight exposure. *J. Food Sci.* 67: 2957-2961.
- Krajewska, A. M.; Powers, J. J. 2006. Sensory properties of naturally occurring capsaicinoids. *J. Food Sci.* 53: 902-905.
- Kwon, K.-T.; Uddin, M. S.; Jung, G.-W.; Sim, J.-E.; Lee, S.-M.; Woo, H.-C.; Chun, B.-S. 2011. Solubility of red pepper (*Capsicum annuum*) oil in near- and supercritical carbon dioxide and quantification of capsaicin. *Korean J. Chem. Eng.* 28: 1433-1438.
- Lee, J. J.; Crosby, K. M.; Pike, L. M.; Yoo, K. S.; Leskovar, D. I. 2005. Impact of genetic and environmental variation on development of flavonoids and carotenoids in pepper (*Capsicum* spp.). *Sci. Hort.* 106: 341-352.

- Matsufuji, H.; Nakamura, H.; Chino, M.; Takeda, M. 1998. Antioxidant activity of capsanthin and the fatty acid esters in paprika (*Capsicum annuum*). *J. Agric. Food Chem.* 46: 3468-3472.
- Matthäus, B.; Özcan, M. M. 2009. Chemical evaluation of some paprika (*Capsicum annuum* L.) seed oils. *Eur. J. Lipid Sci. Technol.* 111: 1249-1254.
- Meckelmann, S. W.; Riegel, D. W.; van Zonneveld, M. J.; Ríos, L.; Peña, K.; Ugas, R.; Quinonez, L.; Mueller-Seitz, E.; Petz M. 2013. Compositional Characterization of Native Peruvian chili peppers (*Capsicum* spp.). *J. Agric. Food Chem.* 61: 2530-2537.
- Meneses-Reyes, J. C.; Soto-Hernández, R. M.; Espinosa-Solares, T.; Ramírez-Guzmán, M. E. 2008. Optimización del proceso de extracción de flavonoides de flor de manzanilla (*Matricaria recutita* L.). *Agrociencia.* 42: 425-433.
- Menichini, F.; Tundis, R.; Bonesi, M.; Loizzo, M. R.; Conforti, F.; Statti, G.; De Cindio, B.; Houghton, P. J.; Menichini, F. 2009. The influence of fruit ripening on the phytochemical content and biological activity of *Capsicum chinense* Jacq. cv Habanero. *Food Chem.* 114: 553-560.
- Rodríguez-Burruezo, A.; González-Mas, M. C.; Nuez, F. 2010. Carotenoid composition and vitamin A value in ají (*Capsicum baccatum* L.) and rocoto (*C. pubescens* R. & P.), 2 pepper species from the Andean region. *J. Food Sci.* 75: S446–S453.
- Rodriguez-Uribe, L.; Guzman, I.; Rajapakse, W.; Richins, R. D.; O’Connell, M. A. 2012. Carotenoid accumulation in orange-pigmented *Capsicum annuum* fruit, regulated at multiple levels. *J. Exp. Bot.* 63: 517-526.
- SAS Institute. 2011. SAS/STAT User’s Guide, Software version 9.3. Cary, N.C. USA.
- SIAP (Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera). 2014. Cierre de la producción agrícola por cultivo. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. SAGARPA. México. <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-producción-agrícola-por-cultivo>. (Consultado Mayo 10, 2014)
- Sun, T.; Xu, Z.; Wu, C.-T.; Janes, M.; Prinyawiwatkul, W.; No, H.K. 2007. Antioxidant activities of different colored Sweet Bell peppers (*Capsicum annuum* L.). *J. Food Sci.* 72: S98-S102.
- Tewksbury J.J., G.P. Nabhan. 2001. Seed dispersal: directed deterrence by capsaicin in chillies. *Nature* 412: 403-404.

- Topuz, A.; Dincer, C.; Özdemir, K. S.; Feng, H.; Kushad, M. 2011. Influence of different drying methods on carotenoids and capsaicinoids of paprika (Cv., Jalapeno). *Food Chem.* 129: 860-865.
- Wahyuni, Y.; Ballester, A. R.; Tikunov, Y.; de Vos, R. C. H.; Pelgrom, K. T. B.; Maharijaya, A.; Sudarmonowati, E.; Bino, R. J.; Bovy, A. G. 2013. Metabolomics and molecular marker analysis to explore pepper (*Capsicum* sp.) biodiversity. *Metabolomics.* 9: 130-144.
- Walker, S.; Wall M. M.; Bosland, P. W. 2004. 'NuMex Garnet' paprika. *HortScience.* 39: 629-630.
- Wall, M. M.; Waddell, C. A.; Bosland, P. W. 2001. Variation in β -carotene and total carotenoid content in fruits of *Capsicum*. *HortScience*, 36: 746-749.
- Yu, L.; Parry, J. W.; Zhou, K. 2005. Oils from herbs, spices, and fruit seeds. *In: Shahidi, F. (Ed.), Bailey's Industrial Oil and Fat Products.* 6th ed. John Wiley & Sons, New York, USA. pp. 233-258.
- Zaki, N.; Hasib, A.; Hakmaoui, A.; Dehbi, F.; Ouatmane, A. 2013. Assessment of color, capsaicinoids, carotenoids and fatty acids composition of paprika produced from Moroccan pepper cultivars (*Capsicum annuum* L.). *J. Nat. Sci. Res.* 3: 111-118.
- Ziino, M.; Conduro, C.; Romeo, V.; Tripodi, G.; Verzera, A. 2009. Volatile compounds and capsaicinoid content of fresh hot peppers (*Capsicum annuum* L.) of different Calabrian varieties. *J. Sci. Food Agri.* 89: 774-780.

IV. DIVERSIDAD GENÉTICA DE POBLACIONES NATIVAS DE CHILES ANCHOS DE MÉXICO MEDIANTE SSR[†]

Rocío Toledo-Aguilar¹, Higinio López-Sánchez^{2*}, Amalio Santacruz-Varela¹, Ernestina Valadez-Moctezuma³, Pedro A. López², Víctor Heber Aguilar-Rincón¹, Víctor A. González-Hernández¹, Humberto Vaquera-Huerta¹

¹PREGEP-Genética, Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo. Km 36.5 Carretera México-
Texcoco, Montecillo, Texcoco 56230, Estado de México, México.

²Colegio de Postgraduados, Campus Puebla. Km 125.5 Carretera Federal México-Puebla, Santiago
Momoxpan, San Pedro Cholula 72760, Puebla, México.

*Autor para correspondencia: higinio@colpos.mx.

³Universidad Autónoma Chapingo. Km 38.5 Carretera México-Texcoco, Chapingo 56230, Estado
de México, México.

[†]Enviado en su versión en inglés para su publicación como artículo científico a la revista Chilean
Journal of Agricultural Research.

4.1. Resumen

Los chiles tipo ancho son importantes ingredientes de comida tradicional de México, por lo que son altamente demandados; seis subtipos nativos con diferencias morfológicas y de coloración en fruto son considerados como anchos; sin embargo, su diversidad genética no ha sido determinada de manera conjunta. El objetivo de este estudio fue caracterizar la diversidad genética de poblaciones nativas de chiles anchos de México usando microsatélites, así como obtener la relación entre las poblaciones estudiadas. Mediante 24 loci de microsatélites se analizaron 38 poblaciones nativas de chiles anchos colectadas en siete estados de México, se incluyeron como testigos a tres poblaciones diferentes al tipo ancho (piquín, guajillo y chilaca) y tres híbridos (Capulín, Abedul y Morrón). Se obtuvo el número de alelos por locus, número y porcentaje de loci polimórficos, contenido de información polimórfica (PIC), heterocigosidad esperada y los estadísticos F de Wright; además se realizó un análisis de componentes principales y un análisis de agrupamiento. Se detectaron 220 alelos, con un promedio de 9.2 alelos por locus, el PIC varió entre 0.07 y 1, y la heterocigosidad esperada entre 0.36 y 0.59. Se identificaron también 59 alelos únicos, así como ocho alelos comunes para todas las poblaciones. Los estadísticos F revelaron alta diferenciación genética entre las poblaciones. Tanto en el análisis de componentes principales como en el de agrupamiento se pudieron separar las poblaciones de acuerdo con el origen de colecta (sur, centro y norte de México). La amplia diversidad genética detectada en las poblaciones nativas de chiles anchos de México se encuentra en mayor proporción dentro de las poblaciones que entre las mismas.

Palabras clave *Capsicum annuum* L., caracterización genética, microsatélites, PCR múltiple, polimorfismo, variabilidad.

4.2. Introducción

En México el cultivo de chile tipo ancho es el segundo más importante dentro del género *Capsicum*, tanto por los recursos económicos que genera (SIAP-SAGARPA, 2012) como por su uso en la preparación de platillos tradicionales, razón por la que es altamente demandado. Los chiles anchos son unos de los tantos morfotipos de la especie *C. annuum* L. que se encuentran en

México; como chiles anchos se conocen a los subtipos: “mulatos”, que miden 18 x 8 cm aproximadamente, su fruto madura en color café y tiene forma triangular; los chiles “anchos” miden 12 x 6.5 cm aproximadamente, con maduración en rojo y forma triangular; los subtipos “cristalinos” miden 12 x 6 cm, cuya maduración pasa de color verde limón, amarillo, naranja y rojo, y tienen forma triangular; los “huacles” miden 10 x 8 cm aproximadamente, con maduración en color negro, su forma es trapezoidal y sólo se siembran en el estado de Oaxaca; los chiles “miahuatecos” miden 13 x 3 cm, con maduración en café oscuro, y son nativos y cultivados en el estado de Puebla; los chiles “dulces” son propios del Estado de Yucatán, su fruto mide 7 x 7 cm, maduran en rojo y se forma es arriñonada. Los chiles anchos se pueden encontrar en al menos nueve estados de este país (Aguilar *et al.*, 2010). A pesar de la importancia que representan, no existe un estudio que muestre la diversidad genética de los chiles anchos nativos de México, que permita plantear esquemas de conservación, mejoramiento y aprovechamiento de este recurso.

Los marcadores moleculares son herramientas confiables para cuantificar la diversidad genética ya que no son afectados por el ambiente y son altamente reproducibles (Laurentin, 2009). Los marcadores microsatélites o SSR (por sus siglas en inglés) han tenido gran auge en los últimos años, debido a que son codominantes, se encuentran distribuidos en todo el genoma y son altamente polimórficos (Varshney *et al.*, 2005); además, muestran una mejor diferenciación entre materiales emparentados (Pejic *et al.*, 1998), son ideales para detectar diferencias dentro y entre especies, y para la determinación de paternidad (Farroq y Azam, 2002). Por ello, los SSR han sido utilizados en un gran número de especies para el mapeo de genomas, cuantificación de diversidad genética, selección asistida por marcadores, diferenciación varietal y huella genética (Varshney *et al.*, 2005).

En el género *Capsicum* se han desarrollado miles de marcadores de microsatélites para mapear el genoma de los chiles (Lee *et al.*, 2004; Minamiyama *et al.*, 2006; Yi *et al.*, 2006; Nagy *et al.*, 2007; Portis *et al.*, 2007; Wu *et al.*, 2009; Mimura *et al.*, 2012; Sugita *et al.*, 2013; Ahn *et al.*, 2014). La identificación de estos SSR han servido también para cuantificar la diversidad genética en *C. annuum* L. (Hanáček *et al.*, 2009), *C. frutescens* (Rodrigues y Tam, 2010), *C. chinense* (Moses *et al.*, 2014) y análisis interespecíficos (Stágel *et al.*, 2009; Ince *et al.*, 2010; Yumnam *et al.*, 2012; Rai *et al.*, 2013). En todos estos estudios se encontró alto polimorfismo, sobre todo en poblaciones

nativas y entre especies de chile, comprobando así la gran utilidad que tienen los SSR para diferenciar los materiales genéticos del género *Capsicum*.

En México también se han realizado estudios para analizar la diversidad genética de algunos tipos de chile con microsatélites. González-Jara *et al.* (2011) probaron 10 SSR en 27 poblaciones de chiltepín (*C. annuum* var. *glabriusculum*), y Pacheco-Olvera *et al.* (2012) utilizaron 14 loci de SSR para comparar 22 poblaciones de *C. annuum* L. con diferente base genética. Por su parte, Contreras *et al.* (2011) examinaron la diversidad genética de poblaciones de chile mulato (*C. annuum* L.) de Puebla con 19 marcadores SSR. En los últimos años se ha observado un avance en el estudio de la diversidad genética con el uso de microsatélites en las especies del género *Capsicum*. Sin embargo, aún faltan muchos tipos de chile por examinar, sobre todo en México, país que se considera centro de domesticación y diversidad genética de *C. annuum* L. (Pickersgill, 2007). Por lo anterior, el objetivo de esta investigación fue caracterizar la diversidad genética de poblaciones de chiles tipo ancho nativas de México, mediante los marcadores moleculares SSR, así como identificar las relaciones genéticas entre las poblaciones estudiadas.

4.3. Materiales y Métodos

4.3.1. Material vegetal y extracción de ADN

Los 44 materiales evaluados se muestran en el Cuadro 4.1. Se incluyeron 38 poblaciones nativas de chiles anchos de seis diferentes subtipos que se muestran en la Figura 4.1, y que fueron colectadas en siete estados de México. También se incluyó una población de chile piquín (*C. annuum* var. *glabriusculum*) para ser usada como grupo externo por considerarse ancestro de la especie *C. annuum* L. (Votava *et al.*, 2002; Aguilar-Meléndez *et al.*, 2009) y para establecer relaciones de filogenia; se incluyó además, una colecta de chile guajillo y una de chilaca como tipos diferentes a los anchos, los híbridos comerciales Capulín (ancho mulato) y Abedul (ancho rojo) (Harris Moran Seed Company), y un híbrido comercial de chile morrón (Happy Flower), este último se analizó para conocer si tiene cercanía genética con los chiles dulces de Yucatán.

Cuadro 4.1. Material genético utilizado para la caracterización molecular de poblaciones de chiles anchos nativos de México mediante SSR.

Estado de colecta	†Núm. Pob.	Tipo de chile	Estado de colecta	†Núm. Pob.	Tipo de chile
Guanajuato	3	Mulato	Puebla	5	Mulato
	2	Ancho		2	Miahuateco
	2	Cristalino	Oaxaca	1	Huacle
Zacatecas	6	Ancho	Yucatán	1	Chilaca
	2	Mulato		3	Dulce
	1	Guajillo	Veracruz	1	Piquín
Durango	5	Ancho	Híbrido Capulín	1	Mulato
	2	Cristalino	Híbrido Abedul	1	Ancho red
San Luis Potosí	4	Ancho	Híbrido Morrón	1	Morrón
	1	Mulato			

†Núm. Pob: número de poblaciones.

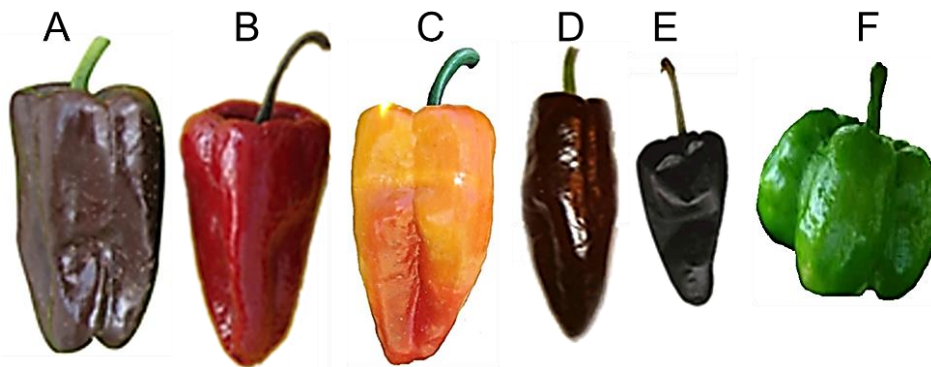


Figura 4.1. Frutos de chiles anchos maduros.

A) Mulato; B) Ancho; C) Cristalino o de chorro; D) Miahuateco; E) Huacle o chilhuacle; F) Dulce (Fuente: Aguilar *et al.*, 2010).

La extracción de ADN genómico total se realizó a 10 plántulas (15 días después de la siembra) por población, en un robot de extracción KingFisher Flex[®] (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA.) mediante el kit “ChargeSwitch[®] gDNA Plant Kit” (Invitrogen).

4.3.2. Amplificación de los loci de microsatélites y análisis de fragmentos

Se utilizaron 24 loci de microsatélites (Cuadro 4.2) seleccionados del estudio de Lee *et al.* (2004) y marcados con las etiquetas fluorescentes 6-FAM o HEX (Applied Biosystems) en el extremo 5' (Contreras *et al.*, 2011) para poder detectarlos mediante electroforesis capilar.

A cada reacción de PCR con volumen final de 25 μ L se agregaron 10 pM de cada iniciador, 0.2 mM de nucleótidos, 1X de Buffer, 3 mM de MgCl₂, una unidad de Taq ADN polimerasa y 40 ng de ADN molde. Las amplificaciones de los fragmentos de PCR múltiple e individual se realizaron en el termociclador GeneAmp PCR System 9700[®] (Applied Biosystems), las cuales fueron obtenidas mediante una desnaturalización inicial de 4 min a 94 °C; 30 o 35 ciclos de 1 min a 94 °C, 1 min a 53 - 64 °C y 2 min a 72 °C; la extensión final fue de 12 min a 72 °C. Las temperaturas de alineamiento y los ciclos empleados para ocho grupos de PCR múltiple, así como dos amplificaciones individuales se muestran en el Cuadro 3.2.

Los productos de PCR fueron separados mediante electroforesis capilar en el secuenciador ABI 3130[®] (Applied Biosystems); en una mezcla de reacción se colocaron 2 uL de producto de PCR, 0.25 uL de GeneScan[™] - 500 LIZ[®] Size Standard (marcador de peso molecular) y 7.75 uL de Hi-Di[™] Formamide[®] grado análisis genético. Las corridas se mantuvieron en un voltaje de 1500 V a 60 °C durante 15 min, el tiempo de inyección fue de 16 o 32 s. Como soporte de separación se utilizó el filtro set G5 y el polímero POP-7[™], y para la detección de los fluoróforos FAM[™], HEX[™] y Size standard LIZ[®] se empleó la matriz DS-33 Dye Primer Matrix Standard Set[®].

Las corridas obtenidas fueron analizadas con el programa GeneMapper[®] versión 4.0 (Applied Biosystems, 2005) para la detección de los alelos y sus tamaños (pb).

Cuadro 4.2. Descripción de los loci de microsatélites, condiciones de alineamiento de las PCR múltiples e individuales, Contenido de Información Polimórfica (PIC) de los loci y número de alelos en la caracterización molecular de poblaciones de chiles anchos nativos de México.

Grupo	Locus	Unidad repetitiva	Iniciadores (5'-3' / 3'-5')	EF [†]	TP (pb)	T _m (°C) - cycles	PIC	NA
1	<i>Hpms1-106</i>	(AAAAAT) ₄	tccaaactacaagcctgcctaacc/ tttgcattattgagtcccacagc	HEX	150 – 163	53 - 35	0.14	6
	<i>Hpms2-2</i>	(GT) ₉	gcaaggatgcttagttgggtgc/ tcccaaattaccttgacgac	6-FAM	136 – 151		0.90	8
2	<i>AF039662</i>	T _{26IMP} ^{††}	ccccctcgtctctctttatt/ ttgcaaatctttgtcaatttt	6-FAM	111 - 130	56 - 30	0.78	8
	<i>CM0005</i>	(CCA) ₈	catgaccaccatgaggata/ gatagccacgagcatagtatt	6-FAM	153 – 160		0.07	5
	<i>Hpms1-1</i>	(CA) ₁₂ (TA) ₄	tcaaccaatattaaggtcactcc/ ccaggcggggattgtagatg	6-FAM	258 – 287		0.91	12
	<i>Hpms1-274</i>	(GTT) ₇	tcccagaccctcgtgatag/ tctgctcctccacaactg	HEX	164 – 179		0.90	7
3	<i>Hpms1-62</i>	(TG) ₂₃ (AG) ₉	catgaggtctcgcgatgattcac/ ggagaaggaccatgtactgcagag	6-FAM	185 – 210	54 - 30	0.48	9
	<i>AF244121</i>	(TTG) _{5IMP} (AT) _{6IMP} (GT) _{3IMP}	tacctcctcgcgaatccttctg/ ttgaaagtctttccatgacaacc	6-FAM	221 – 248		0.93	12
	<i>Hpms1-148</i>	(GA) ₁₄	ggcggagaagaactagacgattagc/ ccaccaatccacatagacg	HEX	183 – 195		1.00	7
	<i>HpmsCaSIG19</i>	(CT) ₆ (AT) ₈ (GTAT) ₅	catgaattcgtcttgaaggtccc/ aagggtgtatcgtacgcagcctta	HEX	217 – 229		0.19	10
4	<i>CAN010950</i>	(TA) ₉	gattttggtggcagaagaattgg/.tgcacttgcgaagcaaaacc	6-FAM	245 - 276	56 - 30	0.14	5
	<i>Hpms2-13</i>	(AC) ₁₂ (AT) ₄	tcacctcataagggttatcaatc/ tccttaaccttacgaaaccttgg	HEX	219 – 259		0.28	11
5	<i>Hpms1-5</i>	(AT) ₁₁ (GT) ₁₇	ccaaacgaaccgatgaacactc/ gacaatgttgaaaaaggtggaagac	6-FAM	297 - 318	62.5 - 30	0.21	13
	<i>Hpms1-168</i>	(TA) ₁₇ (GA) ₁₂	gccccgatcaatgaattcaac/ tgattttgggtggagagaaaacc	HEX	159 – 178		0.82	10
	<i>Hpms1-172</i>	(GA) ₁₅	gggtttgcatgatctaagcatttt/ cgctggaatgcattgtcaaaga	HEX	336 – 346		0.83	10
6	<i>Hpms1-214</i>	(GTTT) ₂ (TTG) ₉	tgcgagtaccgattcttctag/ ggcagtcctgggacaactcg	6-FAM	81 – 107	59.5 - 30	0.77	14
	<i>HpmsAT2-14</i>	(AAT) _{16IMP}	tttaggtttccaactcttctcc/ ctaacccaccaagcaaaacac	6-FAM	176		0.00	1
	<i>Hpms1-6</i>	(AT) ₂ (GT) ₄ (AT) ₈ (GT) ₁₃	tccataactcaccatgagtatga/ gcaacaccacattccctctc	HEX	180 – 200		0.10	10

Cuadro 4.2. Continuación.

Grupo	Locus	Unidad repetitiva	Iniciadores (5'-3' / 3'-5')	EF [†]	TP (pb)	Tm (°C) - cycles	PIC	NA
7	<i>Hpms1-173</i>	(GA) ₁₆ (TG) ₂	tgctgggaaagatctcaaaagg/ atcaaggaagcaaaccaatgc	HEX	157 – 169	53 - 30	0.09	8
	<i>Hpms1-143</i>	(AG) ₁₂	aatgctgagctggcaaggaaag/ tgaaggcagtaggtggggagtg	6-FAM	216 – 239		0.21	12
8	<i>Hpms1-111</i>	(AAT) ₁₁	aagcttatccctttcaaatataa/ atatctcacgtattgcggattctt	HEX	145 - 166	56 - 30	0.40	9
	<i>Hpms2-24</i>	(CT) ₁₇ (CA) ₅ A ₂₁	tcgtattggcttgattaccg/ ttgaatcgaataccgcaggag	6-FAM	183 – 204		0.24	12
	<i>Hpms2-21</i>	(AT) ₁₁ (AC) ₉ (ATAC) ₁₀	ttttcaattgatgcatgaccgata/ catgtcattttgtcattgatttg	HEX	264 – 305		0.45	16
	<i>CANI30829</i>	T ₁₆	gctaattacttgctccgtttg/ aatgggggagttgttttg	6-FAM	182 – 186	64 - 30	0.99	5

[†]EF: etiqueta fluorescente; TP: tamaño del fragmento; Tm: temperatura de alineamiento; NA: número de alelos. ^{††}IMP: repetición imperfecta.

4.3.3. Análisis estadístico

Con base en el registro de los diferentes alelos encontrados en 44 materiales analizados se obtuvieron las frecuencias alélicas (Cuadros 7A-29A de los Anexos), mediante el programa POPGENE versión 1.31 (Yeh *et al.*, 1999); también se registró el número de alelos por locus, número y porcentaje de loci polimórfico, contenido de información polimórfica (PIC, por sus siglas en inglés) (Nei *et al.*, 1983), heterocigosidad esperada (He) (Nei, 1973) y los estadísticos F de Wright (1965). Con la matriz de correlaciones generada a partir de las frecuencias alélicas se realizó un análisis de componentes principales (ACP) con el paquete SAS versión 9.3 (SAS Institute, 2011), y un análisis de agrupamiento utilizando las distancias genéticas de Rogers modificadas por Wright (1978) (Cuadro 30A de los Anexos) y con el método de agrupamiento de Neighbor Joining (Saitou y Nei, 1987), mediante el programa NTSYS versión 2.21 (Rohlf, 2009).

4.4. Resultados y Discusión

4.4.1. Diversidad genética poblacional

La diversidad genética detectada en las poblaciones nativas de chiles anchos analizadas mediante microsatélites, es amplia. Se detectaron 220 alelos en 44 materiales genéticos estudiados, con un promedio de 9.2 alelos por locus; 23 loci fueron polimórficos y únicamente el locus *Hpms AT2-14* no presentó polimorfismo. Los loci *Hpms2-21*, *Hpms1-214* y *Hpms1-5* fueron los que mostraron mayor polimorfismo para los chiles anchos nativos de México con 16, 14 y 13 alelos encontrados. La información alélica mostró que los tipos mulatos y anchos presentaron 21 y 20 loci polimórficos en promedio (Cuadro 4.3); mientras que la población de chile piquín, el chile morrón comercial y los chiles cristalinos presentaron 18 loci polimórficos.

Cuadro 4.3. Información alélica de los chiles anchos y sus testigos para 24 loci de microsatélites.

	Tipo de chile	No. Pob [†]	NLPP	PLP (%)	NAG	NAP	Des. Est.	He	Des. Est.
Grupos	Mulato	11	21	87.5	151	6.3	2.8	0.59	0.22
	Ancho	17	20	83.3	153	6.4	3.1	0.54	0.24
	Cristalino	4	18	75.0	92	3.8	1.9	0.45	0.27
	Miahuateco	2	19	79.2	70	2.9	1.6	0.43	0.24
	Dulce	3	19	79.2	71	3.0	1.3	0.48	0.21
Individuales	Huacle	1	19	79.2	63	2.6	1.5	0.45	0.26
	Chilaca	1	21	87.5	69	2.9	1.3	0.48	0.24
	Chiltepín	1	18	75.0	57	2.5	1.3	0.40	0.25
	Guajillo	1	22	91.7	70	3.0	1.3	0.48	0.21
	Morrón	1	18	75.0	56	2.3	1.3	0.37	0.26
	Híbrido Mulato	1	18	75.0	52	2.2	1.0	0.36	0.25
	Híbrido Ancho	1	19	79.2	53	2.2	0.9	0.38	0.23

[†]No. Pob: número de poblaciones; NLPP: número de loci polimórfico promedio; PLP: porcentaje de loci polimórfico; NAG: número de alelos; NAP: número promedio de alelos; Des. Est.: desviación estándar; He: heterocigosidad esperada.

En estudios similares como el de Contreras *et al.* (2011) encontraron 105 alelos para 19 loci en poblaciones de chile mulato de Puebla, México, probablemente porque su estudio sólo abarcó un subtipo de chile ancho. Entre especies del género *Capsicum* se han encontrado una mayor cantidad de alelos, como en el estudio de Ibiza *et al.* (2012) quienes encontraron un promedio de 14.5 alelos con 10 microsatélites para 270 poblaciones en total. En chiles silvestres (*C. annuum* var *glabriusculum*), González-Jara *et al.* (2011) encontraron aún mayor variación, con 27 alelos por locus. Por el contrario, debido a su estrecha base genética, el número de alelos encontrados en variedades comerciales es muy bajo (Kwon *et al.*, 2005); y en cultivares introducidos en Turquía también se detectaron pocos alelos (Aktas *et al.*, 2009).

La heterocigosidad esperada estuvo en un intervalo de 0.36 a 0.59, los chiles mulatos y anchos mostraron mayor probabilidad de encontrar heterocigotos en sus poblaciones, mientras que los chiles híbridos presentaron los valores más bajos con 0.36 y 0.38, y la variedad híbrida de chile morrón con 0.37, esto último evidencia que la mayor homocigosis ocurre en estos híbridos. En general, en poblaciones de chiles nativos y silvestres se han reportado cifras menores que en otro cultivos como maíz (*Zea mays*), donde el nivel de diversidad genética encontrada es mucho más alto (Sa *et al.*, 2010; Warburton *et al.*, 2011). Pacheco-Olvera *et al.* (2012) encontraron datos de heterocigosidad esperada en *C. annuum* L. de 0.47 para poblaciones silvestres y de 0.42 para poblaciones nativas de chiles mexicanos; Por su parte, Nicolai *et al.* (2013) encontraron valores de 0.59 en poblaciones nativas de *C. annuum* y de 0.78 en *C. annuum* var. *glabriusculum*.

En los tipos de chiles anchos de México se encontraron también alelos exclusivos en 17 de 24 loci analizados, que representan 30 % del total de alelos encontrados (Cuadro 4.4); las poblaciones de chiles dulces de Yucatán fueron las que mostraron la mayor cantidad de estos alelos. Los chiles mulatos también tienen una alta cantidad de alelos exclusivos entre sus poblaciones, principalmente los chiles colectados en Puebla, con siete alelos exclusivos para cinco poblaciones. Por el contrario, la población de chile guajillo y los cristalinos no presentaron alelos exclusivos en este estudio; quizá con una mayor cantidad de poblaciones estudiadas se puedan encontrar alelos exclusivos, ya que en México existen muchas poblaciones nativas para estos dos tipos de chiles. Asimismo, en las poblaciones de chiles anchos y sus testigos existen ocho alelos comunes para todas las accesiones: C-184 pb, D-185 pb (*CANI30829*), D-171 pb (*Hpms 1-168*), A-111 pb

(AF039662), E-176 pb (*Hpms1-274*), E-148 pb (*Hpms2-2*), H-196 pb (*Hpms1-6*) y C-260 pb (*CAN010950*).

Cuadro 4.4. Alelos exclusivos para chiles tipo ancho y testigos.

Locus	Alelo-Tamaño (pb)	Grupo/Ind [†]	Locus	Alelo-Tamaño (pb)	Grupo/Ind
<i>Hpms1-106</i>	A – 150	Dulce	<i>Hpms1-173</i>	A - 157	Piquín
	B – 151	Dulce		B - 159	Dulce
	C – 156	Mulato		G - 168	Ancho
	E – 160	Dulce		H - 169	Ancho
<i>HpmsCASIG 19</i>	A – 217	Ancho	<i>CM005</i>	C - 157	Dulce
	I – 227	Piquín		E - 160	Morrón
<i>Hpms1-1</i>	C – 260	Mulato	<i>Hpms2-13</i>	A - 221	Dulce
	D – 269	Piquín		F - 228	Mulato
	F – 273	Mulato		G - 229	Mulato
	G – 279	Dulce		I - 233	Ancho
	I – 281	Dulce		J - 234	Mulato
	L – 287	Piquín		K - 259	Dulce
<i>CAN010950</i>	A – 245	Ancho	<i>Hpms1-5</i>	A - 297	Miahuateco
	D – 266	Chilaca		B - 301	Miahuateco
	E – 276	Ancho		L - 317	Morrón
<i>Hpms1-6</i>	A – 180	Mulato	<i>Hpms2-24</i>	E - 187	Mulato
	B – 183	Dulce		F - 195	Ancho
	E – 186	Dulce		G - 199	Chilaca
	I – 198	Dulce		I - 201	Ancho
	J – 200	Mulato		L - 204	Mulato
<i>Hpms1-143</i>	A – 216	Morrón	<i>Hpms1-111</i>	A - 145	Morrón
	B – 218	Mulato		G - 160	Mulato
	C – 219	Dulce		H - 164	Huacle
	I – 230	Morrón		I - 166	Huacle
	J – 233	Mulato	<i>Hpms1-168</i>	A - 159	Chilaca
	K – 234	Mulato		B - 163	Chilaca
	L – 239	Dulce		I - 177	Ancho
<i>Hpms2-2</i>	B – 137	Chilaca	<i>Hpms2-21</i>	C - 283	Morrón
<i>Hpms1-274</i>	B – 167	Chilaca		G - 287	Mulato
<i>Hpms1-148</i>	C – 190	Piquín			

[†]Ind: individuales (Una sólo población en la evaluación para piquín, morrón, chilaca, huacle).

El nivel de diversidad genética que muestran las poblaciones de chiles anchos fue alta. Una explicación probable es el alto nivel de polinización cruzada que muestra la especie *C. annuum* L., en la que se ha reportado hasta de 90 % (Pickersgill, 1997; Djian-Caporalino *et al.*, 2006). También se identificaron alelos exclusivos que permitieron diferenciar los chiles del sur y centro de los del norte de México, debido probablemente a la gran distancia geográfica entre estas regiones, así como a las diferencias morfológicas entre los chiles dulces de Yucatán con los del centro y norte del país, ya que los chiles dulces muestran una forma más parecida a los chiles morrones, con los que comparte más alelos.

En general, en análisis de diversidad genética de poblaciones nativas de chiles de México la variabilidad que se ha encontrado es muy alta (Oyama *et al.*, 2006; González-Jara *et al.*, 2011; Pacheco-Olvera *et al.*, 2012); toda esta diversidad genética resguardada en las poblaciones de chiles nativas y silvestres de México debe ser protegida y conservada para futuros estudios y para la identificación de alelos de interés agronómico. Esta diversidad se atribuye en gran medida a que México es considerado como centro de diversidad genética de la especie *C. annuum* (Pickersgill, 2007), por su alto grado de polinización cruzada (Djian-Caporalino *et al.*, 2006) y por la conservación y utilización de materiales nativos por agricultores mexicanos.

4.4.2. Estructura genética de las poblaciones

Los datos generados a partir del análisis de estadísticos F se muestran en el Cuadro 4.5. Los valores F_{IS} (desviación de heterocigosidad dentro de cada población) fueron negativos, que indican una alta cantidad de heterocigotos dentro de cada población; los datos más bajos los presentó el híbrido mulato con -0.497 y la variedad de chile morrón con -0.462, mientras que el chile guajillo tuvo -0.018. Por otro lado, los datos positivos de F_{IT} (diferenciación entre poblaciones) indican que existe una mayor pérdida de heterocigotos. La variedad de chile morrón y el híbrido mulato muestran menor pérdida de heterocigotos, en contraste con los mulatos y anchos que tienen la mayor pérdida de heterocigotos. En cuanto al valor de F_{ST} (coeficiente de diferenciación genética general), para los chiles mulatos y dulces existe diferenciación genética grande, con 23 %, lo que significa que 77 % de la variación observada se debe a la variación genética entre individuos dentro de cada población y que sólo 23 % es debida a la variación entre poblaciones. En contraste, el grupo de

chiles cristalinos muestran una diferenciación genética moderada, ya que 85 % de su variación genética ocurre entre los individuos dentro de cada población.

Cuadro 4.5. Estadísticos F de Wright para los cinco grupos de chiles, cuatro poblaciones y tres híbridos con base en 24 loci de SSR.

Tipo de chile	F_{IS}^{\dagger}	$F_{IT}^{\dagger\dagger}$	F_{ST}^{\ddagger}	Tipo de chile	F_{IS}	F_{IT}	F_{ST}
Mulato	- 0.079	0.167	0.228	Chilaca	- 0.222	- 0.222	0.000
Ancho	- 0.050	0.122	0.165	Piquín	- 0.240	- 0.240	0.000
Cristalino	- 0.222	- 0.035	0.153	Guajillo	- 0.018	- 0.018	0.000
Miahuateco	- 0.116	0.084	0.180	Morrón	- 0.462	- 0.462	0.000
Dulce	- 0.254	0.028	0.225	Híbrido (Ancho)	- 0.237	- 0.237	0.000
Huacle	- 0.163	- 0.163	0.000	Híbrido (Mulato)	- 0.497	- 0.497	0.000

$^{\dagger}F_{IS}$: desviación de heterocigosidad dentro de cada población. $^{\dagger\dagger}F_{IT}$: diferenciación entre poblaciones. $^{\ddagger}F_{ST}$: coeficiente de diferenciación genética general.

En chiles anchos la mayor parte de la variación genética se encuentra dentro de cada población, lo que indica que la selección sería el mejor método para realizar mejoramiento genético en las poblaciones, sin omitir la variación genética que se encuentra entre poblaciones en los grupos de chiles mulatos y dulces para realizar hibridación. Lo anterior es apoyado por datos reportados en poblaciones nativas de México, los cuales muestran que la variación genética dentro de cada colección es mayor que entre colecciones. Por ejemplo, Pacheco-Olvera *et al.* (2012) reportaron 70 % de variación dentro de poblaciones de chile nativos y 60 % en chiles silvestres del noroeste mexicano; Contreras *et al.* (2011) encontraron 86% de variación dentro de colecciones de chile mulato de Puebla; Oyama *et al.* (2006) también indicaron que existe mayor diversidad dentro de las poblaciones de chiles domesticados y silvestres de México que entre ellas. En contraste, Albrecht *et al.* (2012), en un estudio con AFLP, indicaron que la variación encontrada para *C. baccatum* de Centro y Sudamérica es mayor entre accesiones que dentro de ellas. La existencia de alto polimorfismo dentro de cada población de chile ancho permite aprovechar aún este recurso genético, ya que se puede encontrar gran cantidad de formas, tamaños y coloración de frutos, así como diversas alturas y anchos de planta, lo que posibilita establecer procedimientos de mejora genética.

4.4.3. Relación genética entre poblaciones

Según el análisis de componentes principales (CP), 50.5 % de la variación se explicó con los primeros ocho CP (Cuadro 4.6). Los alelos con mayor aportación a cada componente principal se eligieron con vectores propios mayores a $|0.16|$ (Cuadro 31A de los Anexos). La mayoría de alelos que integran el CP1 fueron determinantes para separar las poblaciones de Yucatán del resto de poblaciones de este estudio, ya que en general sólo se presentan en las poblaciones de chile dulce de este estado; estos alelos son *CM0005 C*, *Hpms1-1 G*, *Hpms1-1 I*, *Hpms1-106 E*, *Hpms1-6 I* y *Hpms2-13 K*. Los otros seis alelos que tuvieron influencia sobre el CP1 también se encuentran con mayor frecuencia en las poblaciones de chile dulce, y en muy baja frecuencia en otras poblaciones. Por su parte, el alelo *Hpms1-62 F*, que se encuentra en las poblaciones de chiles dulces de Yucatán, muestran una mediana frecuencia en las poblaciones de chiles de Durango y San Luis Potosí, poca o nula frecuencia en las poblaciones de Puebla, Zacatecas y Guanajuato, y está ausente en los dos híbridos (ancho y mulato).

El alelo con mayor aporte al CP2 (*Hpms1-172 K*) sólo se encontró en las poblaciones de chile huacle, piquín y chilaca, poblaciones que al parecer se encuentran muy cercanas genéticamente a pesar de que son muy diferentes morfológicamente; los chiles piquines son pequeños, redondos y de maduración en rojo, mientras que el chile huacle evaluado madura en color negro y es de forma trapezoidal, y el morfotipo chilaca tiene una maduración en color café y su forma es alargada delgada (17 cm largo x 2 cm de ancho). De manera similar, el alelo *HpmsCASIG19 J* del CP3 sólo está presente en las poblaciones de chile piquín y chilaca, mientras que el alelo *Hpms1-274 G* se encuentra únicamente en los chiles dulces de Yucatán, chilaca y piquín.

Según la dispersión de las poblaciones estimada con los dos primeros componentes principales (CP), que se muestra en la Figura 4.2, las poblaciones de chile dulce se separan del resto de las poblaciones del centro y norte de México (Cuadrante IV, Círculo 4); y las poblaciones V-Pi (piquín) y O-Ch (chilaca) también forman un grupo diferenciado en el Cuadrante I (Círculo 1); los híbridos evaluados: mulato, ancho y morrón (marcados con una flecha) quedan separados en el Cuadrante I y II. Las poblaciones de chiles mulatos y miahuatecos de Puebla también forman un

grupo diferenciado en los Cuadrantes I y II (Círculo 2), mientras que la mayoría de los chiles del norte del país se agrupan en los Cuadrantes III y IV (Círculo 3).

Cuadro 4.6. Primeros ocho componentes principales, la variación que explican y los alelos que tienen mayor influencia sobre cada componente.

Componente Principal	Variación explicada (%)	Alelos con mayor aporte para cada componente
1	13.0	<i>Hpms1-62 F, HpmsCASIG19 H, Hpms1-5 I, Hpms1-172 F, CM0005 C, Hpms1-1 G, Hpms1-1 H, Hpms1-1 I, Hpms2-2 F, Hpms1-106 E, Hpms1-6 I y Hpms2-13 K</i>
2	7.8	<i>Hpms1-172 A</i>
3	7.0	<i>HpmsCASIG19 J y Hpms1-274 G</i>
4	5.5	<i>Hpms2-13 E, Hpms1-143 I, Hpms1-143 A, Hpms2-21 C, Hpms1-111 A, Hpms2-24 J, CM0005 E, Hpms1-5 L y AF244121 C</i>
5	5.2	<i>Hpms1-62 G, AF244121 J, HpmsCASIG19 C, Hpms1-1 J, Hpms1-274 A, Hpms1-274 C, Hpms2-2 A, Hpms1-214 L, Hpms2-21 A y Hpms1-173 D</i>
6	4.7	<i>CAN010950 D, Hpms1-173 A, Hpms2-21 E, Hpms2-24 G, Hpms2-24 A, Hpms1-6 C, Hpms1-214 K, Hpms2-2 B, Hpms1-274 B, Hpms1-1 L, Hpms1-1 D, Hpms1-168 B, Hpms1-168 A, HpmsCASIG19 I y Hpms1-148 C</i>
7	3.8	<i>Hpms1-5 K, Hpms1-172 J, Hpms1-111 H, Hpms1-111 I, Hpms1-143 D, Hpms1-173 C y Hpms2-13 B</i>
8	3.5	<i>Hpms1-214 J, Hpms1-1 A, AF039662 B, AF039662 C, Hpms1-172 G, Hpms1-168 C, Hpms1-168 D y Hpms1-62 B</i>

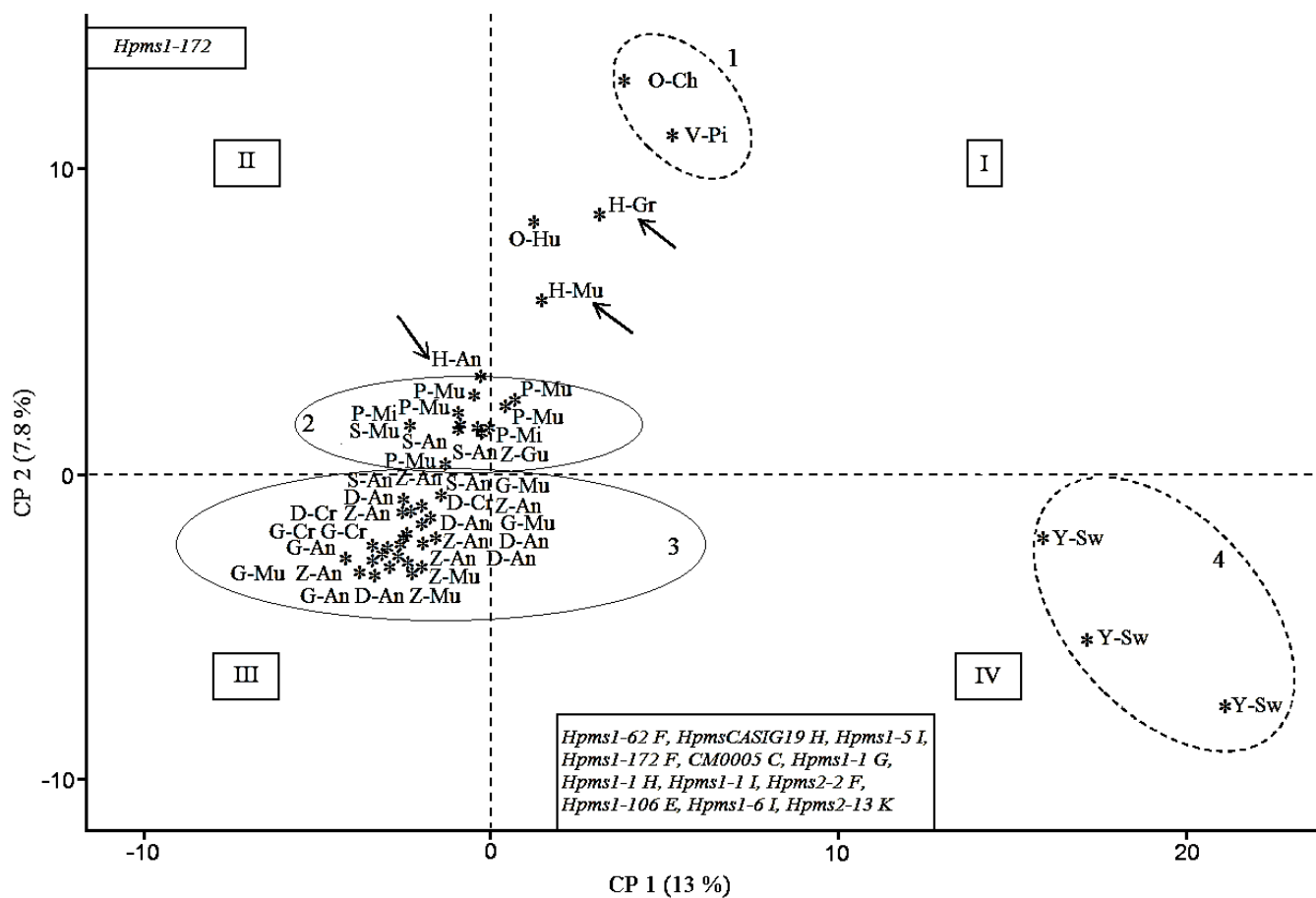


Figura 4.2. Dispersión de las poblaciones de chiles anchos nativas de México y los testigos en función de los primeros dos componentes principales.

Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; S: San Luis Potosí; D: Durango; P: Puebla; O: Oaxaca; Y: Yucatán; V: Veracruz); H: híbrido.

Tipos de chiles (An: ancho; Mu: mulato; Cr: cristalino; Mi: miahuateco; Hu: huacle; Sw: dulce; Gu: guajillo; Ch: chilaca; Gr: morrón; Pi: piquín).

A pesar de que los ocho primeros componentes principales apenas explican 50.5 % de la variación total, este análisis muestra que existen diferencias genéticas entre las poblaciones en estudio, ya que la frecuencia de alelos encontrada para los loci usados permitió separar los materiales en sur, centro y norte de México, de acuerdo con los sitios donde se colectaron estos materiales. Dicha diferenciación en los chiles anchos mostró que existe un parentesco más estrecho entre las poblaciones cercanas en su ubicación geográfica, lo que es atribuible en gran medida a la existencia de alelos exclusivos. La presencia de estos alelos se debe en parte al manejo y selección por parte de los agricultores y mejoradores de cada región, así como a la distancia geográfica entre estos materiales, por lo que no ha habido intercambio de información genética, de manera que se ha conservado un morfotipo distinto en cada región. La diversificación y variabilidad genética que tienen estas poblaciones ofrece una oportunidad para hacer frente a los diversos problemas fitosanitarios y ambientales que presentan estos chiles, además de facilitar la conservación de los tipos de chiles anchos con características morfológicas y genéticas propias de la región donde se siembran.

El filograma basado en la distancia genética modificada de Rogers (1978), con VP01 como grupo externo y con el método de agrupamiento “Neighbor Joining” se muestra en la Figura 4.3. Al igual que en el ACP, la población de chilaca muestra gran cercanía genética con la población de piquín. Las tres poblaciones de chiles dulces de Yucatán (Grupo III) fueron muy parecidas genéticamente al híbrido comercial de chile morrón (H-Gr). Los chiles del sur (Grupo III) y centro (Grupo II) se separaron de manera clara de los chiles colectados en el norte de México (Grupo I), al igual que resultó con el análisis de componentes principales. Los chiles del norte de México muestran mayor cercanía genética entre ellos, debido quizá a la proximidad geográfica de los estados de colecta (Guanajuato, San Luis Potosí, Zacatecas y Durango), y con probable flujo genético entre estas poblaciones. Los chiles híbridos se ubican más próximos a las poblaciones de San Luis Potosí (Grupo I-E). A pesar de la amplia distancia geográfica de colecta, las dos poblaciones de chiles miahuatecos resultaron muy similares genéticamente a la población de chile guajillo (Grupo I-C), que en este caso no mostró alelos exclusivos; quizá con otros marcadores SSR o con un mayor número de poblaciones se pueda lograr su diferenciación.

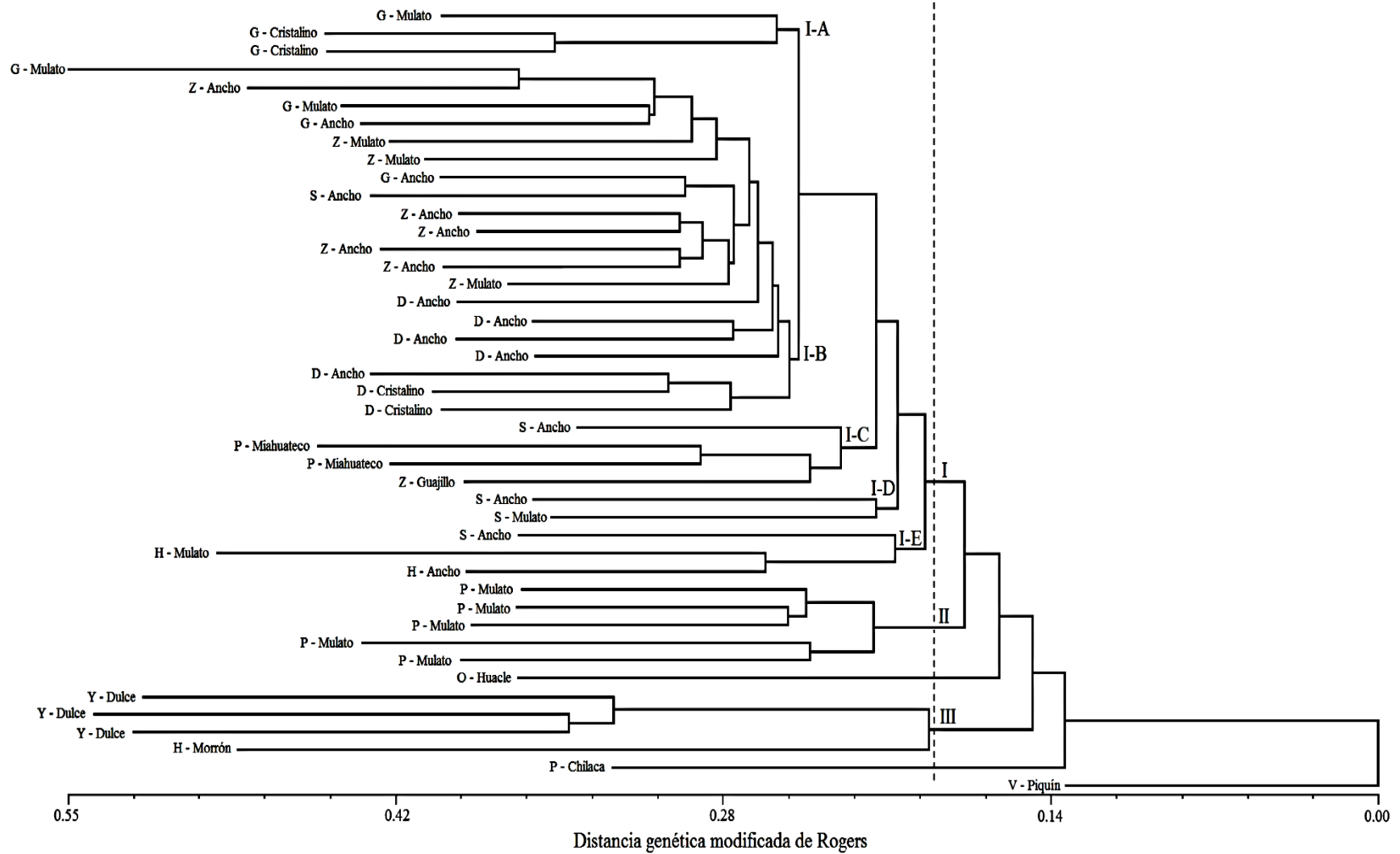


Figura 4.3. Filograma de 38 poblaciones de chiles anchos nativas de México y testigos, utilizando la distancia modificada de Rogers y el método de agrupamiento de vecinos cercanos (Neighbor joining).

G: Guanajuato, Z: Zacatecas; S: San Luis Potosí; D: Durango; P: Puebla; O: Oaxaca; Y: Yucatán; V: Veracruz; H: híbrido.

Los chiles dulces de Yucatán muestran diferencias morfológicas tanto en la forma arriñonada que presentan como en su tamaño; además, su crecimiento, desarrollo y selección se ha llevado a cabo en un nicho ecológico muy distinto que los otros chiles en estudio; es decir, han estado en menor contacto con los otros subtipos de chiles ancho, por lo que no se ha dado polinización cruzada entre ellos y por esto han conservado alelos propios que los hacen diferentes genéticamente. Para los chiles comerciales tipo morrón cuya procedencia y progenitores que dieron lugar a estas variedades se desconocen, es relevante la cercanía genética y la similitud entre los alelos de los chiles dulces de Yucatán y el híbrido de chile morrón, que además muestran parecido morfológico. Este estudio podría dar un indicio de la procedencia de los tipos morrones del mercado; sin embargo, se necesitarían estudios más detallados y con mayor número de poblaciones para confirmar esta propuesta.

Por su parte, los híbridos comerciales mostraron mayor cercanía genética a las poblaciones del norte del país, sobre todo con las poblaciones de San Luis Potosí, lo que sugiere que probablemente estos materiales locales o algunos otros muy emparentados dieron origen a estos híbridos, o que ha existido mayor polinización cruzada entre las poblaciones de este estado con los híbridos evaluados.

Una población de chile mulato de Guanajuato presentó la mayor divergencia evolutiva con una distancia genética de poco más de 0.55 con respecto a la posición basal del filograma, seguidas por las poblaciones de chile dulce de Yucatán e inmediatamente después los híbridos comerciales de chile mulato y morrón. La población de chile piquín (V-Pi) es la que muestra la menor divergencia evolutiva, seguida de la población de chilaca (O-Ch) con distancias genéticas de con 0.14 y 0.34 con respecto a la posición basal del filograma. En México existe gran cantidad y diversidad de chiles piquines (*C. annuum* var. *glabriusculum*) que se encuentran distribuidos en casi todo el país (Aguilar *et al.*, 2010); estos chiles son considerados como ancestros de la especie *C. annuum* L. (Aguilar-Meléndez *et al.*, 2009). En este estudio muestran una baja evolución genética, lo que sugiere que por un lado fueron conservados para algún uso exclusivo y por otro lado se llevó a cabo la selección que dio origen a la diversidad de subtipos de la especie *C. annuum*

que existen en México, para otros usos, ya que dentro de esta especie existe gran variación en forma, coloración, tamaño, cantidad de picor, aroma y sabor.

4.5. Conclusiones

El análisis con microsatélites indica que existe amplia variabilidad genética con gran cantidad de heterocigotos en las poblaciones de chiles anchos nativas de México, cuya variación genética se encuentra en mayor proporción dentro de las poblaciones que entre ellas, por lo que es importante aprovechar esta diversidad mediante selección. La existencia de alelos exclusivos permitió diferenciar a las poblaciones de acuerdo con su origen geográfico, ya que se formaron grupos diferenciados de las poblaciones colectadas en el sur, centro y norte de México, de manera que existe un parentesco más cercano entre las poblaciones por su ubicación geográfica. Por otro lado, la presencia de alelos comunes en todas las poblaciones de chiles anchos y sus testigos, indican que comparten una base genética común. Asimismo, el chile morrón mostró gran cercanía a los chiles dulces de Yucatán, lo que podría dar una idea de su procedencia; mientras que los híbridos comerciales comparten mayores similitudes genéticas con las poblaciones del norte del país, sobre todo son las de San Luis Potosí.

Agradecimientos

Al Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI) por financiar esta investigación y a la Red Nacional de Chile de México del SINAREFI por proporcionar la semilla para este estudio.

4.6. Literatura Citada

Aguilar-Meléndez, A., P.L. Morrell, M.L. Roose, and S.C. Kim. 2009. Genetic diversity and structure in semiwild and domesticated chiles (*Capsicum annuum*; Solanaceae) from México. *American Journal of Botany*. 96:1190-1202.

- Aguilar, R.V.H., T. Corona T., P. López L., L. Latournerie M., M. Ramírez R., H. Villalón M., y J.A. Aguilar C. 2010. Los Chiles de México y su Distribución. Ed. SINAREFI. Colegio de Postgraduados, INIFAP, IT-Conkal, UANL, UAN. Texcoco, Estado de México, México.
- Ahn, Y.K., S. Tripathi, J.H. Kim, Y.I. Cho, H.E. Lee, D.S. Kim, J.G. Woo, and M.K. Yoon. 2014. Microsatellite marker information from high-throughput next-generation sequence data of *Capsicum annuum* varieties Mandarin and Blackcluster. *Scientia Horticulturae* 170:123-130.
- Aktas, H., K. Abak, and S. Sensoy. 2009. Genetic diversity in some Turkish pepper (*Capsicum annuum* L.) genotypes revealed by AFLP analyses. *African Journal of Biotechnology*. 8:4378-4386.
- Albrecht, E., D. Zhang, R.A. Saftner, J.R. Stommel. 2012. Genetic diversity and population structure of *Capsicum baccatum* genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution* 59:517-538.
- Applied Biosystems. 2005. GeneMapper Software Version 4.0. Reference and troubleshooting guide. Applied Biosystems inc. Foster City, California, USA.
- Contreras T., A.R., H. López S., A. Santacruz V., E. Valadez M., V.H. Aguilar R., T. Corona T., y P.A. López. 2011. Diversidad genética en México de variedades nativas de chile 'Poblano' mediante microsatélites. *Revista Fitotecnia Mexicana* 34:225-232.
- Djian-Caporalino, C., V. Lefebvre, A.M. Sage-Daubèze, and A. Palloix. 2006. *Capsicum*. p. 185-243. *In*: Singh, R.J. (ed.) Genetic resources, Chromosome Engineering, and Crop Improvement. Volume 3. Vegetable Crops. CRC Press. Boca Raton, Florida, USA.
- Farooq, S., and F. Azam. 2002. Molecular markers in plant breeding – III: Practical applications and difficulties encountered. *Pakistan Journal of Biological Sciences* 5:1148-1154.
- González-Jara, P., A. Moreno-Letelier, A. Fraile, D. Piñero, and F. García-Arenal. 2011. Impact of human management on the genetic variation of wild pepper, *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*. *PLoS one* 6: e28715. DOI: 10.1371/journal.pone.0028715.
- Hanáček, P., T. Vyhnánek, M. Rohrer, J. Cieslarová, and H. Stavěliková. 2009. DNA polymorphism in genetic resources of red pepper using microsatellite markers. *HortScience* 36:127-132.

- Ibiza, V.P., J. Blanca, J. Cañizares, and F. Nuez. 2012. Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. *Genetic Resources and Crop Evolution* 59:1077-1088.
- Ince, A.G., M. Karaca, and A.N. Onus. 2010. Polymorphic microsatellite markers transferable across *Capsicum* species. *Plant Molecular Biology Reporter* 28:285-291.
- Kwon, Y.S., J.M. Lee, G.B. Yi, S.I. Yi, K.M. Kim, E.H. Soh, K.M. Bae, E.K. Park, I.H. Song, and B.D. Kim. 2005. Use of SSR markers to complement tests of distinctiveness, uniformity, and stability (DUS) of pepper (*Capsicum annuum* L.) varieties. *Molecules and Cells*. 19:428-435.
- Laurentin, H. 2009. Data analysis for molecular characterization of plant genetic resources. *Genetic Resources and Crop Evolution* 56:277-292.
- Lee, J.M., S.H. Nahm, Y.M. Kim, and B.D. Kim. 2004. Characterization and molecular genetic mapping of microsatellite loci in pepper. *Theoretical and Applied Genetics* 108:619-627.
- Mimura, Y., T. Inoue, Y. Minamiyama, and N. Kubo. 2012. An SSR-based genetic map of pepper (*Capsicum annuum* L.) serves as an anchor for the alignment of major pepper maps. *Breeding Science* 62:93-98.
- Minamiyama, Y., M. Tsuru, and M. Hirai. 2006. An SSR-based linkage map of *Capsicum annuum*. *Molecular Breeding* 8:157-169.
- Moses, M., P. Umaharan, and S. Dayanandan. 2014. Microsatellite based analysis of the genetic structure and diversity of *Capsicum chinense* in the Neotropics. *Genetic Resources and Crop Evolution* 61:741-755.
- Nagy, I., A. Stágel, Z. Sasvári, M. Röder, and M. Ganal. 2007. Development, characterization, and transferability to other Solanaceae of microsatellite markers in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Genome* 50:668-688.
- Nei, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proceedings of the National Academy Sciences* 70:3321-3323.
- Nei, M. 1983. Tajima F, Tatenó Y (1983) Accuracy of estimated phylogenetic trees from molecular data. *Journal of Molecular Evolution* 19:153-170.
- Nicolai, M., M. Cantet, V. Lefebvre, A.M. Sage-Palloix, and A. Palloix. 2013. Genotyping a large collection of pepper (*Capsicum* spp.) with SSR loci brings new evidence for the wild origin

- of cultivated *C. annuum* and the structuring of genetic diversity by human selection of cultivar types. *Genetic Resources and Crop Evolution* 60:2375-2390.
- Oyama, K., S. Hernández-Verdugo, C. Sánchez, A. González-Rodríguez, P. Sánchez-Pena, J.A. Garzón-Tiznado, and A. Casas. 2006. Genetic structure of wild and domesticated populations of *Capsicum annuum* (Solanaceae) from Northwestern Mexico analyzed by RAPDs. *Genetic Resources and Crop Evolution* 53:553-562.
- Pacheco-Olvera, A., S. Hernández-Verdugo, V. Rocha-Ramírez, A. González-Rodríguez, and K. Oyama. 2012. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. *Crop Science* 52:231-241.
- Pejic, I., P. Ajmone-Marsan, M. Morgante, V. Kozumplick, P. Castiglioni, G. Taramino, and M. Motto. 1998. Comparative analysis of genetic similarity among maize inbred lines detected by RFLPs, RAPDs, SSRs, and AFLPs. *Theoretical and Applied Genetics* 97:1248-1255.
- Pickersgill, B. 1997. Genetic resources and breeding of *Capsicum* spp. *Euphytica* 96:129-133.
- Pickersgill, B. 2007. Domestication of plants in the Americas: insights from Mendelian and molecular genetics. *Annals of Botany* 100:925-940.
- Portis, E., I. Nagy, Z. Sasvári, A. Stágel, L. Barchi, and S. Lanteri. 2007. The design of *Capsicum* spp. SSR assays via analysis of *in silico* DNA sequence, and their potential utility for genetic mapping. *Plant. Science* 172:640-648.
- Rai, V.P., R. Kumar, S. Kumar, A. Rai, S. Kumar, M. Singh, S.P. Singh, A.B. Rai, and R. Paliwal. 2013. Genetic diversity in *Capsicum* germplasm based on microsatellite and random amplified microsatellite polymorphism markers. *Physiology and Molecular Biology of Plants* 19:575-586.
- Rodrigues, K.F., and H.K. Tam. 2010. Molecular markers for *Capsicum frutescens* varieties cultivated in Borneo. *Journal of Plant Breeding and Crop Science* 6:165-167.
- Rohlf, F.J. 2009. NTSYS pc: Numerical taxonomy system, Version 2.21c. Exeter Publishing, Setauket, New York.
- Sa, K.J., J.K. Park, K.J. Park, and J.K. Lee. 2010. Analysis of genetic diversity and relationships among waxy maize inbred lines in Korea using SSR markers. *Genes & Genomics* 32:375-384.

- Saitou, N., and M. Nei. 1987. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. *Molecular Biology and Evolution* 4:406-425.
- SAS Institute. 2011. SAS/STAT User's Guide software Version 9.3. Cary, N.C. USA.
- SIAP-SAGARPA. 2012. Agricultura Producción Anual. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <http://www.siap.gob.mx/agricultura-produccion-anual/>. Consultado 10 mayo 2014.
- Stágel, A., I. Gyurján, Z. Sasvári, S. Lanteri, M. Ganal, and I. Nagy. 2009. Patterns of molecular evolution of microsatellite loci in pepper (*Capsicum* spp.) revealed by allele sequencing. *Plant Systematics and Evolution* 281:251-254.
- Sugita, T., Y. Semi, H. Sawada, Y. Utoyama, Y. Hosomi, E. Yoshimoto, Y. Maehata, H. Fukuoka, R. Nagata, and A. Oyama. 2013. Development of simple sequence repeat markers and construction of a high-density linkage map of *Capsicum annuum*. *Molecular Breeding* 31:909-920.
- Varshney, R.K., A. Graner, and M.E. Sorrells. 2005. Genic microsatellite markers in plants: features and applications. *Trends in Biotechnology* 23:48-55.
- Votava, E.J., G.P. Nabhan, and P.W. Bosland. 2002. Genetic diversity and similarity revealed via molecular analysis among and within an *in situ* population and *ex situ* accessions of chiltepín (*Capsicum annuum* var. *glabriusculum*). *Conservation Genetics* 3:123-129.
- Warburton, M.L., G. Wilkes, S. Taba, A. Charcosset, C. Mir, F. Dumas, D. Madur, S. Dreisigacker, C. Bedoya, B.M. Prasanna, C.X. Xie, S. Hearne, and J. Franco. 2011. Gene flow among different teosinte taxa and into the domesticated maize gene pool. *Genetic Resources and Crop Evolution* 58:1243-1261.
- Wright, S. 1965. The interpretation of population structure by F-statistics with special regard to systems of mating. *Evolution* 19:395-420.
- Wright, S. 1978. *Evolution and the Genetics of Populations*. Vol. IV. Variability within and among Natural Populations. University of Chicago Press. Chicago, Illinois, USA.
- Wu, F., N.T. Eannetta, Y. Xu, R. Durrett, M. Mazourek, M.M Jahn, and S.D. Tanksley. 2009. A COSII genetic map of the pepper genome provides a detailed picture of synteny with tomato and new insights into recent chromosome evolution in the genus *Capsicum*. *Theoretical and Applied Genetics* 118:1279-1293.

- Yeh, F.C., R. Yang, and T. Boyle. 1999. POPGENE Version 1.31. Microsoft Window-based freeware for population genetic analysis. Quick user guide. University of Alberta and Centre for International Forestry Research. Edmonton, Canada.
- Yi, G., J.M. Lee, S. Lee, D. Choi, and B.D. Kim. 2006. Exploitation of pepper EST–SSRs and an SSR-based linkage map. *Theoretical and Applied Genetics* 114:113-130.
- Yumnam, J.S., W. Tyagi, A. Pandey, N.T. Meetei, and M. Rai. 2012. Evaluation of genetic diversity of chilli landraces from North Eastern India based on morphology, SSR markers and the Pun1 locus. *Plant Molecular Biology Reporter* 30:1470-1479.

V. DISCUSIÓN GENERAL

El proceso de caracterización morfológica de los chiles anchos de México fue extenso, ya que empleamos todo el ciclo del cultivo para obtener datos, desde el estado de plántula hasta fructificación. Es por ello que los resultados obtenidos en esta investigación reflejan adecuadamente la diversidad fenotípica existente en los grupos de chiles anchos.

Se logró diferenciar los subtipos de chiles anchos con base en la coloración del fruto maduro; se diferenciaron también los chiles anchos nativos de Puebla y Oaxaca de los chiles del norte del país. En relación a esto, Latoumerie *et al.* (2001) mencionan que la riqueza genética presente en los diversos chiles regionales se debe en gran medida a la diversidad de factores edáficos y climáticos en los que se han desarrollado, así como a la preservación y manejo de las semillas nativas desde hace cientos de años por parte de los campesinos.

Las variables de los frutos son de las características morfológicas más importantes y las que aportan mayor porcentaje a la variación total. En el caso de los chiles anchos nativos de México, la variabilidad entre las poblaciones estuvo explicada principalmente por descriptores con relación a la forma, tamaño y rendimiento de frutos, mismas que contribuyeron en mayor medida a la conformación de los primeros dos componentes principales. Otras variables con aportación a la diversidad morfológica estuvieron relacionadas con el índice entre longitud y ancho de la hoja madura, hoja cotiledónea y planta, además de diámetro de semillas y número de semillas por fruto.

Varios autores han obtenido resultados similares en poblaciones de chile (*Capsicum* spp.) del continente americano, ya que reportaron que la mayor variación se ubica en características de los frutos. Para Ballina-Gómez *et al.* (2013), la longitud, diámetro, forma y pared del fruto, así como forma del ápice del fruto, cuello de la base del fruto y arrugamiento transversal del fruto de especies silvestres y cultivadas del sur de México, fueron las variables con mayor aportación para los primeros tres componentes principales. Por su parte, Jarret *et al.* (2007) y Jarret (2007) utilizaron variables morfológicas de los frutos para diferenciar poblaciones de *C. baccatum* y *C. frutescens* procedentes de varios países, y demostraron la existencia de alta variabilidad en esas

características de las dos especies evaluadas. Malveira *et al.* (2008) analizaron morfológicamente poblaciones de *C. chinense* de Brasil, y encontraron amplia variación, sobre todo en el tamaño del fruto.

La colección y caracterización de poblaciones locales es necesaria para obtener y conocer recursos genéticos adicionales, y para identificar características deseables que pueden ser transferidas a cultivares comerciales (González y Bosland, 1991). Encontrar diversidad genética en las plantas cultivadas es de suma importancia para seguir abordando necesidades como mayor rendimiento, resistencia a plagas y enfermedades, mejorar la calidad nutricional y reducción de efectos ambientales (Gepts, 2006). En poblaciones nativas de chiles (*Capsicum* spp.), las cuales no se comportan de manera uniforme por ser de base genética heterogénea, se puede encontrar aún mayor variabilidad (McCouch, 2004; Bosland *et al.*, 2012).

Al parecer, las variables de fruto muestran alta diversificación en estudios intraespecíficos. Estos descriptores han sido seleccionados en el transcurso de la domesticación (McLeod *et al.*, 1982), razón por la cual se encuentra gran diversidad en la forma, longitud, ancho y coloración de los frutos. Otra explicación a la variabilidad en características de fruto es la selección que siguen realizando los agricultores en diversas condiciones ambientales para obtener mayor rendimiento o un fruto de mayor calidad para el mercado. El alto grado de polinización cruzada que se ha detectado en las especies de Chile también contribuye a la variabilidad (Djian-Caporalino *et al.*, 2006), lo que permite la recombinación para obtener variantes en forma y tamaño de fruto. Gepts (2004) sugiere que el nivel y distribución de la diversidad genética de una especie cultivada depende de las características biológicas de la especie, tales como su sistema reproductivo y nivel de ploidía, así como el ambiente y el entorno humano.

La diversidad bioquímica en los chiles anchos analizada por el contenido de capsaicinoides, carotenoides, ácidos grasos, flavonoides y contenido de color extraíble es abundante, ya que en todos estos compuestos se encontró gran variabilidad entre los genotipos analizados. La mayor variación se encontró en las cantidades de capsaicina y dihidrocapsaicina, color extraíble, β -

criptoxantina, ácido palmitoleico y en la proporción de carotenoides que integran la fracción roja y amarilla.

La concentración de metabolitos secundarios en las especies de chile (*Capsicum* spp.) ha sido estudiada de manera amplia (Guzman *et al.*, 2010; Giuffrida *et al.*, 2013; Meckelmann *et al.*, 2013). Compuestos como capsaicinoides, carotenoides, color extraíble tienen importancia nutricional, farmacéutica e industrial; sin embargo, estos compuestos también son fuertemente afectados por el ambiente (Zewdie y Bosland, 2000; Wall *et al.*, 2001); No obstante, la información generada en esta investigación permitió detectar patrones de similitud en función del tipo de chile ancho, al poder separar en grupos diferenciados a los chiles mulatos, miahuatecos y huacle de los anchos y cristalinos, lo que demuestra que estos marcadores químicos son de utilidad para diferenciar genotipos. Wahyuni *et al.* (2013) analizaron accesiones de las especies *C. annuum*, *C. chinense*, *C. baccatum* y *C. frutescens* y encontraron diferencias metabólicas entre ellas en el contenido de metabolitos semipolares y compuestos volátiles.

El uso de marcadores de DNA es un método rápido para estimar la diversidad en diferentes especies; sin embargo, es más caro que con el uso de marcadores morfológicos (Rauf *et al.*, 2010). En las poblaciones de chiles anchos se identificó alto polimorfismo con el uso de microsatélites; también se descubrió que la mayor parte de la diversidad genética se encuentra dentro de las poblaciones, lo que sugiere realizar selección como mejor método de mejoramiento para aprovechar dicha variación. En México, con los pocos estudios disponibles con el uso de SSR en *C. annuum* se ha detectado alto polimorfismo, debido a la amplia base genética de las poblaciones silvestres y nativas de chiles estudiadas (Contreras *et al.*, 2011; González-Jara *et al.*, 2011; Pacheco-Olvera *et al.*, 2012).

Las diferencias alélicas y la detección de alelos exclusivos permitió la separación entre las poblaciones colectadas en el sur, centro y norte de México; lo que sugiere que se generan y prevalecen alelos diferentes en las regiones de producción, y por el aislamiento geográfico de estas regiones no se ha presentado intercambio de información genética entre los materiales; es decir, los individuos se cruzan en forma natural con los más cercanos geográficamente (Hardy y

Vekemans, 1999). En contraste, los subtipos de chiles colectados en el Norte del país (ancho, mulato y cristalino) no se lograron diferenciar debido a que existe un mayor intercambio de información genética entre estos materiales y por ello comparten muchos alelos. Los loci de SSR utilizados no codifican para alguna característica fenotípica específica, y quizá por ello no se observó la separación de los subtipos de chiles anchos para cada región.

Los estudios morfológico y molecular permitieron observar una separación entre los chiles mulatos de Puebla y huacle de Oaxaca con los chiles anchos colectados en el norte del país; las características fenotípicas y los alelos que contienen los chiles mulatos nativos de Puebla son propios de estos genotipos, lo que permitió su diferenciación; lo mismo ocurrió con los chiles dulces de Yucatán y huacle de Oaxaca. Con los estudios morfológico y bioquímico la separación de las poblaciones se efectuó de acuerdo con el tipo de chile ancho, es decir, se separaron los mulatos, miahuatecos y huacle entre sí y de los chiles anchos y cristalinos.

Los tres estudios de manera separada sobre la diversidad genética de las poblaciones de chiles anchos de México permitieron identificar amplia diversidad y obtener relaciones de similitud con base en el tipo de chile y las zonas de procedencia del germoplasma.

5.1. Literatura Citada

- Ballina-Gómez H., L. Latournerie-Moreno, E. Ruiz-Sánchez, A. Pérez-Gutiérrez y G. Rosado-Lugo. 2013. Morphological characterization of *Capsicum annuum* L. accessions from southern Mexico and their response to the *Bemisia tabaci*-*Begomovirus* complex. *Chilean Journal of Agricultural Research* 73: 329-338.
- Bosland P. W., D. Coon y G. Reeves. 2012. 'Trinidad Moruga Scorpion' Pepper is the world's hottest measured chile pepper at more than two million Scoville Heat Units. *HortTechnology* 22:534-538.
- Contreras T. A. R., H. López S., A. Santacruz V., E. Valadez M., V. H. Aguilar R., T. Corona T. y P. A. López. 2011. Diversidad genética en México de variedades nativas de chile 'Poblano' mediante microsatélites. *Revista Fitotecnia Mexicana* 34: 225-232.

- Djian-Caporalino C., V. Lefebvre, A. M. Sage-Daubèze, A. Palloix. 2006. *Capsicum*. In: Genetic resources, Chromosome Engineering, and Crop Improvement. Vol. 3. Vegetable Crops. Singh, R. J. (ed.). CRC Press. Boca Raton, Florida, USA. pp: 185-243.
- Gepts P. 2004. Domestication as a long-term selection experiment. In: Plant Breeding Reviews. Vol. 24. Part 2. Long-Term Selection: Plants, Animals, and Bacteria. Janick, J. (ed.). John Wiley & Sons. Hoboken, New Jersey. pp: 1-44.
- Gepts P. 2006. Plant genetic resources conservation and utilization: the accomplishments and future of a societal insurance policy. *Crop Science* 46: 2278-2292.
- Giuffrida D., P. Dugo, G. Torre, C. Bignardi, A. Cavazza, C. Corradini y G. Dugo. 2013. Characterization of 12 *Capsicum* varieties by evaluation of their carotenoid profile and pungency determination. *Food Chemistry* 140: 794-802.
- González-Jara P., A. Moreno-Letelier, A. Fraile, D. Piñero y F. García-Arenal. 2011. Impact of human management on the genetic variation of wild pepper, *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*. *PLoS one* 6: e28715. DOI: 10.1371/journal.pone.0028715.
- González M. M. y P. W. Bosland. 1991. Strategies for stemming genetic erosion of *Capsicum* germoplasm in the Americas. *Diversity* 7:52-53.
- Guzman I., S. Hamby, J. Romero, P. W. Bosland y M. A. O'Connell. 2010. Variability of carotenoid biosynthesis in orange colored *Capsicum* spp. *Plant Science* 179: 49-59.
- Hardy O. J. y X. Vekemans. 1999. Isolation by distance in a continuous population: reconciliation between spatial autocorrelation analysis and population genetics models. *Heredity* 83: 145-154.
- Jarret R. L. 2007. Morphologic variation for fruit characteristics in the USDA/ARS *Capsicum baccatum* L. germplasm collection. *HortScience* 42:1303-1305.
- Jarret R. L., E. Baldwin, B. Perkins, R. Bushway y K. Guthrie. 2007. Diversity of fruit quality characteristics in *Capsicum frutescens*. *HortScience* 42:16-19.
- Latournerie L., J. L. Chávez, M. Pérez, C. F. Hernández, R. Martínez, L. M. Arias y G. Castañón. 2001. Exploración de la diversidad morfológica de chiles regionales en Yaxcabá, Yucatán, México. *Agronomía Mesoamericana* 12:41-47.

- Malveira F. R., R. Lopes, W. Silva B., M. T. Gomes L. y F. Medeiros F. 2008. Morphologic characterization and genetic diversity of *Capsicum chinense* Jacq. accessions along the upper Rio Negro - Amazonas. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 8: 187-194.
- McCouch S. 2004. Diversifying selection in plant breeding. *PLoS Biology* 2: 1507-1512.
- McLeod M. J., S. I. Guttman y W. H. Eshbaugh. 1982. Early evolution of chili peppers (*Capsicum*). *Economic Botany* 36:361-368.
- Meckelmann S. W., D. W. Riegel, M. J. van Zonneveld, L. Ríos, K. Peña, R. Ugas, L. Quinonez, E. Mueller-Seitz y M. Petz. 2013. Compositional characterization of native Peruvian chili peppers (*Capsicum* spp.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry* 61: 2530-2537.
- Pacheco-Olvera A., S. Hernández-Verdugo, V. Rocha-Ramírez, A. González-Rodríguez y K. Oyama. 2012. Genetic diversity and structure of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Northwestern Mexico analyzed by microsatellite markers. *Crop Science* 52:231-241.
- Rauf S., J. A. Teixeira da S., A. A. Khan y A. Naveer. 2010. Consequences of plant breeding on genetic diversity. *International Journal of Plant Breeding* 4: 1-21.
- Wall M. M., C. A. Waddell y P. W. Bosland. 2001. Variation in β -carotene and total carotenoid content in fruits of *Capsicum*. *HortScience* 36:746-749.
- Wahyuni Y., A.-R. Ballester, Y. Tikunov, R. C. H. de Vos, K. T. B. Pelgrom, A. Maharijaya, E. Sudarmonowati, R. J. Bino y A. G. Bovy. 2013. Metabolomics and molecular marker analysis to explore pepper (*Capsicum* sp.) biodiversity. *Metabolomics* 9: 130-144.
- Zewdie Y. y P. W. Bosland. 2000. Evaluation of genotype, environment, and genotype-by-environment interaction for capsaicinoids in *Capsicum annuum* L. *Euphytica* 111:185-190.

VI. CONCLUSIONES GENERALES

Existe alta diversidad morfológica en las poblaciones nativas de chiles anchos detectada por marcadores morfológicos, ya que 76 % de las variables evaluadas mostraron diferencias estadísticas. Las variables de tamaño, forma y rendimiento de fruto fresco fueron las que aportaron mayor variación a estas poblaciones. Otras variables que tuvieron un aporte a la variación morfológica están relacionadas con la forma de la planta, hoja madura y hoja cotiledónea, diámetro de semilla y número de semillas por fruto. Por el contrario, las variables de flores mostraron poca variación morfológica, ya que presentan bastante uniformidad en estudios con una sola especie, como lo fue en este caso.

Morfológicamente, las relaciones de similitud correspondieron con los tipos de chiles anchos clasificados *a priori*; es decir, los chiles mulatos, miahuatecos y huacles que retienen clorofila y su maduración es de color café y negro se separaron de los chiles con maduración en color rojo (anchos y cristalinos). Asimismo, las diferencias fenotípicas fueron suficientes para separar a los chiles anchos nativos de Puebla y Oaxaca de los chiles anchos colectados en el norte del país, ya que los chiles mulato de Puebla presentaron menor tamaño de fruto, dos lóculos en el fruto y bajo rendimiento de fruto fresco, mientras que el chile huacle tiene forma como manzana y fruto muy delgado y de tamaño pequeño.

La diversidad bioquímica analizada a través de compuestos capsaicinoides, carotenoides, ácidos grasos, flavonoides y contenido de color extraíble es abundante, variación que se debe en gran medida a las concentraciones de capsaicina y dihidrocapsaicina, color extraíble, β -criptoxantina, anteraxantina, violaxantina y de los ácidos palmitoleico, palmítico, linoleico y mirístico. La mayor concentración de capsaicinoides fue encontrada en las poblaciones de chiles mulatos de Puebla, en flavonoides lo fue en las poblaciones de chiles miahuatecos. El compuesto carotenoide más abundante en los chiles anchos fue capsantina, y en ácidos grasos fue el ácido palmitoleico.

Con la información bioquímica se detectaron patrones de similitud con base en el tipo de chile ancho, que permitió separar a los chiles mulatos, miahuatecos y huacle de los anchos y cristalinos. No se logró una separación clara de los chiles anchos con base en los estados de colecta.

Se identificaron dos poblaciones de chiles anchos de Durango y una de chile mulato de Zacatecas con posible interés comercial por su alto contenido de color extraíble y bajo picor.

El análisis con microsatélites confirmó la amplia diversidad genética en los chiles anchos, en los que se detectaron 220 alelos en total, con 9.2 alelos por locus en promedio, con buena cantidad de heterocigotos sobre todo en los chiles mulatos y anchos rojos; además se identificaron 59 alelos exclusivos, que fueron encontrados en mayor cantidad en las poblaciones de chile dulce de Yucatán y mulatos de Puebla.

Mediante microsatélites se identificó que existe mayor parentesco entre los chiles anchos de acuerdo a los sitios de colecta de estos materiales, de modo que se formaron grupos diferenciados de las poblaciones colectadas en el sur, centro y norte de México. Estas agrupaciones se generaron por la influencia de los alelos exclusivos detectados, lo que sugiere que se guardan alelos específicos en las diferentes regiones de producción.

Se encontró que a nivel de marcadores moleculares (microsatélites) la variación genética es mayor dentro de las poblaciones que entre ellas, variabilidad que puede ser aprovechada en cada población mediante selección.

VII. ANEXOS

Cuadro 1A. Datos de 30 descriptores morfológicos empleados en el análisis multivariado de poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Población	LHC (mm)	AHC (mm)	IALHC	CTA	CAE	ALP (cm)	IALP	DTA (mm)	NBI	NRB	IALHM	DFL
G [†] -Mul ^{††} -01	19.85	4.65	0.24	1	3	71.7	0.71	9.68	16	3	0.51	56
G-Mul-02	19.08	4.20	0.22	2	2	77.0	0.69	10.78	14	2	0.53	58
G-Mul-03	18.68	4.23	0.22	2	3	72.9	0.74	10.15	15	2	0.50	56
G-Mul-04	19.65	4.30	0.22	1	3	81.8	0.70	10.13	16	2	0.53	55
G-Mul-05	17.50	4.10	0.24	2	4	85.3	0.67	10.33	17	2	0.52	60
G-Mul-06	16.93	3.88	0.23	1	3	76.3	0.78	10.23	16	2	0.51	56
G-Mul-07	20.80	4.70	0.23	1	2	80.7	0.67	10.23	15	3	0.51	55
G-Mul-08	20.23	4.38	0.22	2	3	75.9	0.72	10.18	15	2	0.56	55
G-Mul-09	18.63	4.53	0.24	1	4	72.7	0.71	11.28	15	2	0.55	61
G-Mul-10	17.08	4.03	0.24	1	1	74.2	0.64	9.33	15	2	0.51	57
G-Mul-11	17.70	4.38	0.25	1	2	63.7	0.74	9.73	15	2	0.50	63
G-Mul-12	19.20	4.53	0.24	1	2	72.8	0.69	10.03	15	2	0.53	54
G-Anc-01	18.15	3.88	0.21	1	3	74.1	0.79	10.03	15	2	0.49	55
G-Anc-02	20.85	4.38	0.21	1	3	66.5	0.86	10.20	15	2	0.50	57
G-Anc-03	20.28	4.70	0.24	1	3	63.7	0.77	9.05	15	2	0.49	55
G-Anc-04	19.10	4.25	0.22	2	2	80.1	0.81	10.10	16	2	0.51	53
G-Anc-05	20.43	4.50	0.22	1	2	71.5	0.81	9.50	14	2	0.50	55
G-Cri-01	17.00	4.33	0.25	2	2	63.4	0.92	9.93	13	2	0.47	56
G-Cri-02	16.10	3.83	0.24	2	3	68.3	0.82	9.80	16	2	0.47	55
G-Cri-03	17.03	3.85	0.23	2	2	54.2	0.94	8.95	13	2	0.50	60
Z-Anc-01	20.63	3.98	0.19	2	2	65.8	0.78	8.53	15	2	0.52	57
Z-Anc-02	20.95	4.05	0.19	3	3	66.9	0.72	9.30	14	2	0.48	54
Z-Anc-03	18.53	4.25	0.23	1	3	71.9	0.88	10.50	15	2	0.49	56
Z-Anc-04	22.28	4.60	0.21	2	3	70.3	0.81	9.35	15	2	0.51	54
Z-Anc-05	16.58	3.98	0.24	2	3	76.1	0.70	9.70	16	2	0.46	56
Z-Anc-06	18.68	4.30	0.23	1	3	65.6	0.77	9.75	14	3	0.51	58

Cuadro 1A. Continuación.

Población	LHC (mm)	AHC (mm)	IALHC	CTA	CAE	ALP (cm)	ILAP	DTA (mm)	NBI	NRB	IALHM	DFL
Z-Anc-07	19.35	3.88	0.20	1	3	67.7	0.82	9.58	17	2	0.52	51
Z-Anc-08	19.95	4.38	0.22	1	2	64.4	0.76	8.60	15	2	0.47	52
Z-Anc-09	20.03	3.93	0.20	2	3	69.4	0.79	9.65	16	2	0.50	52
Z-Anc-10	18.78	3.98	0.21	2	2	62.6	0.85	9.80	15	2	0.49	63
Z-Anc-11	20.03	4.35	0.22	2	3	72.5	0.78	9.30	16	2	0.51	51
Z-Anc-12	19.23	3.83	0.20	3	2	64.0	0.75	8.90	15	2	0.49	53
Z-Mul-01	20.03	4.85	0.24	1	3	77.3	0.73	10.20	14	2	0.50	54
Z-Mul-02	17.10	4.08	0.24	2	2	71.5	0.75	10.60	15	3	0.55	57
D-Anc-01	20.58	4.20	0.20	1	4	76.1	0.75	10.60	16	2	0.48	57
D-Anc-02	17.58	4.10	0.23	1	2	74.3	0.78	10.08	15	2	0.49	58
D-Anc-03	19.38	4.60	0.24	2	3	73.5	0.76	9.25	15	2	0.49	59
D-Anc-04	16.45	3.78	0.23	2	3	71.3	0.75	10.30	15	3	0.46	57
D-Anc-05	20.20	4.18	0.21	1	3	69.0	0.78	10.40	15	2	0.48	57
D-Anc-06	19.25	4.18	0.22	2	2	75.1	0.78	10.53	15	2	0.50	56
D-Anc-07	17.73	4.30	0.25	2	2	71.8	0.86	10.75	16	2	0.55	56
D-Anc-08	19.43	4.23	0.22	1	2	82.6	0.71	10.80	17	2	0.48	58
D-Anc-09	17.70	3.90	0.23	1	2	75.5	0.73	9.98	17	2	0.46	53
D-Anc-10	17.70	4.20	0.24	2	1	64.4	0.71	9.65	14	2	0.49	62
D-Anc-11	19.23	4.50	0.23	2	3	73.8	0.67	9.78	16	2	0.48	54
D-Anc-12	19.53	4.18	0.22	2	2	69.5	0.67	9.40	15	2	0.47	55
D-Cri-01	17.95	3.93	0.22	2	2	73.3	0.78	10.68	17	3	0.48	53
D-Cri-02	18.88	3.63	0.19	2	1	65.6	0.77	10.28	15	2	0.44	52
D-Cri-03	20.25	4.30	0.21	1	2	81.8	0.67	10.60	17	2	0.47	56
D-Cri-04	17.25	3.73	0.22	2	1	69.9	0.71	10.38	15	2	0.48	53
S-Anc-01	19.70	4.28	0.22	1	2	72.8	0.75	10.15	15	2	0.48	59
S-Anc-02	16.95	3.73	0.22	2	2	77.6	0.72	10.38	14	3	0.46	57
S-Anc-03	19.45	4.43	0.23	2	2	60.7	0.63	8.70	14	2	0.47	57

Cuadro 1A. Continuación.

Población	LHC (mm)	AHC (mm)	IALHC	CTA	CAE	ALP (cm)	ILAP	DTA (mm)	NBI	NRB	IALHM	DFL
S-Anc-04	18.55	4.20	0.23	2	3	73.8	0.69	9.78	16	2	0.50	54
S-Anc-05	19.53	4.00	0.21	1	3	79.8	0.72	10.58	16	2	0.50	57
S-Anc-06	18.85	3.68	0.20	1	3	59.0	0.74	9.18	15	2	0.48	62
S-Anc-07	19.13	4.88	0.26	1	2	77.0	0.71	9.68	16	2	0.49	57
S-Anc-08	18.53	4.08	0.22	1	4	83.5	0.80	10.33	17	2	0.50	55
S-Mul-01	19.10	4.55	0.24	1	3	66.2	0.70	10.00	12	2	0.51	60
S-Mul-02	20.15	4.85	0.24	1	2	64.1	0.72	9.58	14	2	0.51	60
P-Mul-01	16.75	3.80	0.23	2	4	57.1	0.86	8.80	12	3	0.51	53
P-Mul-02	19.48	4.30	0.22	2	4	70.9	0.77	9.13	15	2	0.52	52
P-Mul-03	18.03	4.18	0.23	2	4	58.5	0.83	8.88	12	3	0.52	55
P-Mul-04	17.03	3.60	0.21	2	4	70.3	0.77	9.43	14	3	0.55	53
P-Mul-05	17.58	3.90	0.22	2	4	64.1	0.85	9.23	14	3	0.54	53
P-Mul-06	19.73	4.63	0.23	2	3	64.6	0.74	8.75	13	3	0.53	48
P-Mul-07	16.13	3.85	0.24	2	3	63.4	0.73	9.35	13	3	0.50	48
P-Mul-08	19.05	4.58	0.24	3	3	66.4	0.73	8.88	14	3	0.53	49
P-Mul-09	18.23	3.93	0.22	2	4	63.9	0.79	8.63	13	2	0.50	49
P-Mul-10	17.20	3.78	0.22	2	3	66.5	0.80	9.45	13	3	0.52	48
P-Mul-11	19.43	4.53	0.23	2	3	60.8	0.79	8.43	14	3	0.51	48
P-Mul-12	17.15	4.00	0.23	2	3	58.1	0.93	9.10	14	3	0.49	48
P-Mul-13	18.58	4.43	0.24	2	2	59.3	0.89	8.90	15	3	0.54	47
P-Mul-14	17.25	4.33	0.25	2	3	61.2	0.81	8.68	13	3	0.53	51
P-Mul-15	17.18	3.73	0.22	3	3	59.2	0.87	8.78	14	3	0.51	48
P-Mul-16	19.95	4.70	0.24	2	4	58.4	0.96	8.93	14	3	0.57	48
P-Mul-17	17.93	4.28	0.24	2	5	68.1	0.85	9.63	14	3	0.54	53
P-Mul-18	18.00	4.33	0.24	3	5	55.6	0.85	8.35	12	3	0.53	52
P-Mul-19	18.73	4.30	0.23	2	3	59.2	0.93	8.40	13	2	0.52	47
P-Mul-20	16.40	3.88	0.24	2	4	62.9	0.99	8.78	16	3	0.53	50

Cuadro 1A. Continuación.

Población	LHC (mm)	AHC (mm)	IALHC	CTA	CAE	ALP (cm)	ILAP	DTA (mm)	NBI	NRB	IALHM	DFL
P-Mul-21	17.00	3.68	0.22	2	3	66.1	0.78	9.35	15	3	0.52	52
P-Mul-22	18.73	4.25	0.23	2	3	67.6	0.74	9.18	15	3	0.53	49
P-Mia-01	19.25	3.88	0.20	2	2	69.5	0.75	9.63	16	2	0.49	56
P-Mia-02	21.18	4.23	0.20	2	2	76.8	0.70	9.98	15	2	0.45	56
P-Mia-03	17.43	3.70	0.21	2	1	70.7	0.77	9.88	15	2	0.45	55
O-Hua-01	18.48	4.68	0.26	2	2	54.2	0.77	8.33	13	2	0.47	61
H-Mul-01	19.30	4.28	0.22	2	2	76.0	0.66	9.53	16	2	0.51	52
H-Anc-01	17.85	4.58	0.26	1	2	77.8	0.61	9.78	17	2	0.47	52
Promedio	18.68	4.19	0.22			69.3	0.77	9.65	15	2	0.50	55
Moda				1	3							
Máximo	22.28	4.88	0.26	3	5	85.3	0.99	11.28	17	3	0.57	63
Mínimo	16.10	3.60	0.19	1	1	54.2	0.61	8.33	12	2	0.44	47

Cuadro 1A. Continuación.

Población	MEC	LCO (mm)	LAN (mm)	PCA	NPE	MAF	CUR	NFP	RFP (g)	CMA	FFR	LFR (cm)
G-Mul-01	0	12.88	2.89	0	6	0	7	5	208.4	13	3	9.0
G-Mul-02	1	13.06	3.09	0	6	0	7	4	182.2	13	3	9.3
G-Mul-03	1	13.30	3.02	0	6	0	7	5	195.9	13	3	10.2
G-Mul-04	1	13.02	3.04	0	6	0	7	4	194.1	13	3	9.6
G-Mul-05	0	13.53	2.84	0	6	0	7	6	211.9	13	3	10.0
G-Mul-06	1	13.25	3.16	0	6	0	7	5	235.7	13	3	9.8
G-Mul-07	0	13.08	3.14	0	6	0	7	4	179.0	13	3	9.6
G-Mul-08	1	13.07	3.18	0	6	0	7	4	224.3	13	3	9.9
G-Mul-09	1	12.97	3.08	0	6	0	7	3	205.0	11	3	8.9
G-Mul-10	0	13.33	2.94	0	6	0	7	6	223.0	13	3	9.4
G-Mul-11	0	14.02	3.01	0	6	0	7	7	277.4	11	3	9.6
G-Mul-12	0	13.96	3.20	0	6	0	7	3	159.2	11	3	9.7
G-Anc-01	1	13.28	3.09	0	6	0	7	4	229.3	8	3	10.3
G-Anc-02	0	12.57	3.21	0	6	0	7	5	201.2	8	3	10.2
G-Anc-03	0	13.30	2.90	0	6	0	7	4	146.9	8	3	9.2
G-Anc-04	0	12.76	3.20	0	6	0	7	6	274.6	8	3	8.9
G-Anc-05	0	13.01	3.22	0	6	0	7	7	264.6	8	3	9.6
G-Cri-01	0	12.92	2.98	0	7	0	7	8	300.2	8	3	9.9
G-Cri-02	0	13.05	2.99	0	6	0	7	5	199.4	8	3	9.6
G-Cri-03	0	12.83	2.87	0	6	0	7	5	162.2	8	3	8.5
Z-Anc-01	0	13.44	3.30	0	6	0	7	5	170.1	9	3	9.2
Z-Anc-02	0	13.15	3.21	0	6	0	7	5	185.1	8	3	9.5
Z-Anc-03	0	13.07	3.18	0	6	0	7	6	303.5	8	3	11.2
Z-Anc-04	0	13.15	3.24	0	7	0	7	4	199.1	8	3	11.2
Z-Anc-05	0	13.17	2.95	0	7	0	7	7	260.1	8	3	10.0
Z-Anc-06	1	12.89	3.28	0	7	0	7	5	155.0	8	3	9.6
Z-Anc-07	1	12.81	3.14	0	6	0	7	5	226.9	8	3	9.9

Cuadro 1A. Continuación.

Población	MEC	LCO (mm)	LAN (mm)	PCA	NPE	MAF	CUR	NFP	RFP (g)	CMA	FFR	LFR (cm)
Z-Anc-08	1	12.41	3.15	0	6	0	7	6	212.5	8	3	9.2
Z-Anc-09	0	12.56	3.30	0	6	0	7	7	204.8	8	3	9.8
Z-Anc-10	1	13.40	3.15	0	7	0	7	6	226.4	8	3	10.0
Z-Anc-11	0	12.07	3.09	0	6	0	7	6	210.8	8	3	9.3
Z-Anc-12	0	12.86	3.24	0	6	0	7	6	220.5	8	3	9.5
Z-Mul-01	1	12.46	2.94	0	6	0	7	5	245.7	11	3	9.4
Z-Mul-02	1	12.29	3.07	0	6	0	7	5	206.1	13	3	9.4
D-Anc-01	0	12.91	3.06	0	6	0	7	6	219.3	8	3	10.5
D-Anc-02	0	12.82	2.95	0	6	0	7	6	277.8	8	3	10.1
D-Anc-03	0	12.73	3.08	0	6	0	7	5	214.9	8	3	10.1
D-Anc-04	0	13.67	3.07	0	6	0	7	6	195.0	8	3	8.7
D-Anc-05	0	13.76	3.10	0	7	0	7	5	188.7	9	3	9.7
D-Anc-06	1	12.69	3.01	0	6	0	7	5	254.8	8	3	12.1
D-Anc-07	0	13.39	3.12	0	6	0	7	8	383.1	8	3	10.5
D-Anc-08	0	13.33	3.03	0	7	0	7	7	278.5	8	3	10.6
D-Anc-09	0	13.00	3.09	0	6	0	7	6	195.8	8	3	9.5
D-Anc-10	1	13.40	3.14	0	6	0	7	4	163.6	8	3	10.1
D-Anc-11	0	12.82	3.03	0	6	0	7	4	160.7	8	3	10.1
D-Anc-12	0	12.85	2.96	0	6	0	7	5	147.2	8	3	9.7
D-Cri-01	0	13.16	2.96	0	6	0	7	10	277.0	8	3	9.7
D-Cri-02	0	13.41	2.89	0	6	0	7	6	192.5	8	3	9.5
D-Cri-03	1	12.50	2.95	0	6	0	7	5	163.9	8	3	9.4
D-Cri-04	0	12.84	3.05	0	6	0	7	6	202.5	8	3	9.3
S-Anc-01	0	13.16	3.20	0	6	0	7	4	184.6	8	3	10.8
S-Anc-02	0	14.05	3.25	0	6	0	7	4	153.5	8	3	10.6
S-Anc-03	0	12.97	3.11	0	6	0	5	3	113.0	8	3	9.1
S-Anc-04	0	12.83	3.05	0	6	0	7	5	204.3	8	3	10.5

Cuadro 1A. Continuación.

Población	MEC	LCO (mm)	LAN (mm)	PCA	NPE	MAF	CUR	NFP	RFP (g)	CMA	FFR	LFR (cm)
S-Anc-05	0	13.45	3.16	0	6	0	7	5	235.9	8	3	10.9
S-Anc-06	0	13.26	3.11	0	6	0	5	3	100.7	8	3	7.7
S-Anc-07	0	13.37	3.21	0	6	0	7	4	207.0	8	3	10.0
S-Anc-08	1	13.30	3.13	0	6	0	7	4	213.0	8	3	10.4
S-Mul-01	1	13.32	3.20	0	6	0	7	4	193.0	13	3	10.0
S-Mul-02	1	13.18	3.06	0	6	0	7	3	127.4	13	3	8.7
P-Mul-01	0	12.55	2.90	0	6	0	7	7	133.2	13	3	8.5
P-Mul-02	0	12.43	2.91	1	6	1	7	6	159.5	13	3	9.3
P-Mul-03	0	13.01	2.96	0	6	0	7	6	124.7	13	3	9.3
P-Mul-04	0	12.40	2.96	0	6	1	7	7	181.4	13	3	10.0
P-Mul-05	0	12.67	2.95	0	6	1	7	6	175.7	13	3	9.0
P-Mul-06	0	12.13	2.88	0	6	1	7	7	177.2	13	3	9.4
P-Mul-07	0	12.68	2.82	0	6	0	7	11	195.7	13	3	8.5
P-Mul-08	1	12.14	2.99	0	6	1	7	9	183.2	13	3	9.0
P-Mul-09	0	11.99	2.92	1	6	1	7	7	144.8	13	3	9.4
P-Mul-10	0	12.98	2.93	0	6	1	7	7	155.1	13	3	9.5
P-Mul-11	0	11.94	2.89	0	6	1	7	8	158.5	13	3	8.6
P-Mul-12	0	12.70	2.89	0	6	0	7	8	156.8	11	4	8.4
P-Mul-13	0	11.84	2.82	1	6	1	7	15	161.4	13	3	7.3
P-Mul-14	0	11.92	2.95	0	6	1	7	7	145.5	13	3	8.1
P-Mul-15	0	12.32	2.84	0	6	1	7	8	174.1	11	3	8.9
P-Mul-16	0	12.07	2.85	0	6	1	7	9	161.4	13	3	8.5
P-Mul-17	0	12.14	2.89	1	6	1	7	6	167.7	13	3	9.1
P-Mul-18	0	12.47	2.85	1	6	1	7	9	146.7	13	3	9.1
P-Mul-19	0	12.71	2.94	0	6	0	7	10	134.3	13	3	9.6
P-Mul-20	0	12.53	2.97	1	6	1	7	8	184.4	11	3	9.3
P-Mul-21	0	12.42	3.06	0	6	1	7	6	156.1	13	3	8.8

Cuadro 1A. Continuación.

Población	MEC	LCO (mm)	LAN (mm)	PCA	NPE	MAF	CUR	NFP	RFP (g)	CMA	FFR	LFR (cm)
P-Mul-22	0	11.48	2.83	1	6	0	7	6	145.4	13	3	8.9
P-Mia-01	0	12.52	3.18	0	6	1	7	8	153.8	13	3	9.6
P-Mia-02	0	13.00	3.13	0	6	0	7	7	136.3	11	3	9.7
P-Mia-03	0	12.79	3.26	0	7	1	7	9	156.9	13	3	9.7
O-Hua-01	0	12.18	2.88	0	6	0	7	8	126.7	12	5	6.0
H-Mul-01	0	12.88	2.88	0	6	0	7	5	212.5	13	3	10.4
H-Anc-01	0	13.01	2.93	0	6	0	7	6	251.7	8	3	9.9
Promedio		12.87	3.04		6			6	194.4			9.5
Moda	0			0		0	7			8	3	
Máximo	1	14.05	3.30	1	7	1	7	15	383.1	13	5	12.1
Mínimo	0	11.48	2.82	0	6	0	5	3	100.7	8	3	6.0

Cuadro 1A. Continuación.

Población	AFR (cm)	FFP	LPF (mm)	NLF	DSE (mm)	NSF
G-Mul-01	6.0	5	43.50	2	4.64	186
G-Mul-02	6.4	5	40.48	3	4.63	279
G-Mul-03	6.2	5	43.05	3	4.64	218
G-Mul-04	6.6	5	43.25	3	4.73	213
G-Mul-05	5.8	5	52.48	2	4.37	173
G-Mul-06	6.8	5	42.55	3	4.63	267
G-Mul-07	6.7	5	40.88	3	4.75	276
G-Mul-08	6.9	5	41.35	3	4.49	284
G-Mul-09	6.6	5	41.58	3	4.83	310
G-Mul-10	6.1	5	45.05	2	4.36	245
G-Mul-11	5.6	5	50.80	2	4.32	217
G-Mul-12	7.1	5	43.20	3	4.48	255
G-Anc-01	6.1	5	43.68	3	4.61	253
G-Anc-02	5.7	5	39.43	2	4.68	235
G-Anc-03	6.1	5	40.55	3	4.54	182
G-Anc-04	6.3	5	39.25	3	4.38	279
G-Anc-05	6.0	5	52.33	2	4.33	267
G-Cri-01	5.0	5	37.53	3	4.28	249
G-Cri-02	5.8	5	37.38	3	4.35	272
G-Cri-03	5.2	5	36.25	3	4.27	248
Z-Anc-01	5.9	5	34.80	3	4.66	201
Z-Anc-02	5.9	5	41.63	2	4.70	233
Z-Anc-03	7.1	5	40.68	3	4.56	281
Z-Anc-04	6.9	5	38.95	3	4.60	178
Z-Anc-05	5.9	5	44.23	2	4.60	176
Z-Anc-06	6.8	5	39.15	3	4.64	249
Z-Anc-07	6.6	5	39.48	3	4.69	238

Cuadro 1A. Continuación.

Población	AFR (cm)	FFP	LPF (mm)	NLF	DSE (mm)	NSF
Z-Anc-08	5.9	5	34.98	3	4.75	251
Z-Anc-09	5.8	5	39.40	3	4.62	238
Z-Anc-10	6.1	5	38.65	2	4.56	276
Z-Anc-11	5.7	5	39.03	2	4.56	202
Z-Anc-12	6.0	5	40.48	3	4.75	244
Z-Mul-01	6.9	5	42.70	3	4.45	215
Z-Mul-02	6.2	5	42.50	3	4.58	263
D-Anc-01	6.4	5	37.83	2	4.58	259
D-Anc-02	6.4	5	36.15	2	4.59	213
D-Anc-03	6.2	4	37.78	2	4.43	205
D-Anc-04	5.6	4	40.25	2	4.59	223
D-Anc-05	5.9	5	40.15	3	4.47	227
D-Anc-06	6.5	4	37.83	2	4.63	246
D-Anc-07	6.5	5	41.73	2	4.42	230
D-Anc-08	6.4	5	39.23	2	4.37	259
D-Anc-09	5.7	4	50.15	3	4.33	217
D-Anc-10	6.2	5	37.58	3	4.44	205
D-Anc-11	6.4	5	36.55	2	4.61	250
D-Anc-12	5.8	5	37.33	3	4.53	239
D-Cri-01	6.1	5	37.85	3	4.42	266
D-Cri-02	5.9	5	42.03	3	4.40	283
D-Cri-03	5.6	5	37.10	2	4.38	223
D-Cri-04	5.9	5	38.53	3	4.39	229
S-Anc-01	6.7	5	43.98	3	4.49	259
S-Anc-02	6.3	5	45.05	2	4.55	258
S-Anc-03	5.7	5	38.18	2	4.52	174
S-Anc-04	6.0	5	45.05	2	4.59	186

Cuadro 1A. Continuación.

Población	AFR (cm)	FFP	LPF (mm)	NLF	DSE (mm)	NSF
S-Anc-05	6.4	5	41.85	2	4.53	221
S-Anc-06	5.3	5	35.87	2	4.70	193
S-Anc-07	6.3	5	46.68	3	4.50	234
S-Anc-08	6.5	5	38.33	2	4.65	236
S-Mul-01	6.4	5	42.33	3	4.65	284
S-Mul-02	6.1	5	39.77	3	4.47	276
P-Mul-01	4.5	5	33.43	2	4.31	203
P-Mul-02	4.8	5	35.40	2	4.30	220
P-Mul-03	4.7	5	37.25	2	4.32	203
P-Mul-04	5.1	4	38.40	2	4.36	189
P-Mul-05	5.5	5	35.35	2	4.26	208
P-Mul-06	4.9	5	36.78	2	4.47	221
P-Mul-07	4.5	5	31.20	2	4.22	226
P-Mul-08	5.0	4	37.08	2	4.46	179
P-Mul-09	4.6	5	35.70	2	4.32	201
P-Mul-10	5.1	4	37.00	2	4.32	210
P-Mul-11	4.5	4	32.73	2	4.28	185
P-Mul-12	4.9	4	34.25	2	4.33	162
P-Mul-13	3.8	4	27.98	2	4.00	213
P-Mul-14	4.9	4	39.18	2	4.22	178
P-Mul-15	4.9	4	34.95	2	4.34	221
P-Mul-16	4.8	5	33.48	2	4.42	204
P-Mul-17	5.2	5	35.35	3	4.29	224
P-Mul-18	4.8	5	33.95	2	4.35	198
P-Mul-19	5.0	5	35.33	2	4.30	221
P-Mul-20	5.0	4	35.83	2	4.23	212
P-Mul-21	4.9	4	36.68	2	4.40	184

Cuadro 1A. Continuación.

Población	AFR (cm)	FFP	LPF (mm)	NLF	DSE (mm)	NSF
P-Mul-22	4.7	4	34.65	2	4.20	194
P-Mia-01	4.4	3	38.30	2	4.71	202
P-Mia-02	5.7	3	40.60	2	4.41	224
P-Mia-03	6.3	5	46.68	3	4.50	234
O-Hua-01	6.5	5	38.33	2	4.65	236
H-Mul-01	6.4	5	42.33	3	4.65	284
H-Anc-01	6.1	5	39.77	3	4.47	276
Promedio	5.8		39.62	2	4.47	228
Moda		5				
Máximo	7.1	5	55.63	3	4.83	310
Mínimo	3.8	3	27.98	2	4.00	162

†Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca), H: híbrido; ††Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Miah: miahuateco, Hua: huacle). Descriptores morfológicos (LHC: Longitud de la hoja cotiledónea, ANC: ancho de la hoja cotiledónea, IALHC: índice ancho-largo de hoja cotiledónea, CTA: color del tallo, CAE: antocianinas en los nudos, ALP: altura de planta, IALP: índice ancho-largo de la planta, DTA: diámetro de tallo, NBI: número de bifurcaciones, NRB: número de ramas después de la primera bifurcación, IALHM: índice ancho-largo de la hoja madura, DFL: Días a floración, MEC: mancha antocianínica externa en la corola, LCO: longitud de la corola, LAN: longitud de la antera, PCA: pigmentación del cáliz (coloración morada), NPE: número de pétalos, MAF: manchas antocianínicas en el fruto, CUR: cuajado del fruto, NFP: número de frutos por planta, RFP: rendimiento de fruto por planta, CMA: color del fruto maduro, FFR: forma del fruto, LFR: longitud del fruto, AFR: ancho del fruto, FFP: forma del fruto con la unión del pedicelo, LPF: longitud del pedicelo del fruto, NLF: número de lóculos por fruto, DSE: diámetro de semilla, NSF: número de semillas por fruto).

Cuadro 2A. Matriz de distancias de Gower generada con variables morfológicas de poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Población	G-M -01	G-M -02	G-M -03	G-M -04	G-M -05	G-M -06	G-M -07	G-M -08	G-M -09	G-M -10	G-M -11	G-M -12	G-A -01	G-A -02	G-A -03	G-A -04	G-A -05	G-C -01	G-C -02
G [†] -M ^{††} -01	0.00																		
G-M-02	0.21	0.00																	
G-M-03	0.16	0.08	0.00																
G-M-04	0.15	0.09	0.07	0.00															
G-M-05	0.18	0.20	0.17	0.19	0.00														
G-M-06	0.18	0.12	0.09	0.09	0.20	0.00													
G-M-07	0.11	0.16	0.18	0.14	0.24	0.16	0.00												
G-M-08	0.21	0.08	0.09	0.09	0.21	0.10	0.16	0.00											
G-M-09	0.21	0.13	0.15	0.13	0.24	0.15	0.19	0.13	0.00										
G-M-10	0.15	0.17	0.15	0.17	0.14	0.14	0.17	0.19	0.21	0.00									
G-M-11	0.22	0.26	0.21	0.24	0.20	0.24	0.26	0.27	0.25	0.16	0.00								
G-M-12	0.17	0.16	0.17	0.15	0.21	0.16	0.13	0.14	0.15	0.13	0.17	0.00							
G-A-01	0.22	0.15	0.10	0.13	0.24	0.09	0.21	0.14	0.16	0.17	0.23	0.17	0.00						
G-A-02	0.18	0.20	0.16	0.17	0.25	0.18	0.18	0.18	0.21	0.20	0.21	0.16	0.12	0.00					
G-A-03	0.13	0.23	0.18	0.19	0.22	0.22	0.19	0.22	0.22	0.17	0.20	0.15	0.15	0.13	0.00				
G-A-04	0.22	0.16	0.18	0.19	0.21	0.18	0.18	0.16	0.23	0.18	0.23	0.15	0.16	0.13	0.18	0.00			
G-A-05	0.20	0.21	0.20	0.21	0.24	0.20	0.18	0.19	0.23	0.16	0.17	0.14	0.15	0.11	0.14	0.10	0.00		
G-C-01	0.29	0.28	0.25	0.31	0.28	0.28	0.31	0.29	0.32	0.22	0.22	0.25	0.24	0.21	0.22	0.18	0.19	0.00	
G-C-02	0.21	0.21	0.18	0.22	0.19	0.17	0.24	0.21	0.24	0.16	0.21	0.19	0.15	0.15	0.15	0.12	0.16	0.14	0.00

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-A	G-A	G-A	G-A	G-A	G-C	G-C
	-01	-02	-03	-04	-05	-06	-07	-08	-09	-10	-11	-12	-01	-02	-03	-04	-05	-01	-02
G-C-03	0.27	0.24	0.24	0.30	0.24	0.26	0.30	0.29	0.30	0.19	0.23	0.25	0.22	0.19	0.18	0.18	0.19	0.14	0.13
Z-A-01	0.22	0.20	0.18	0.22	0.24	0.23	0.22	0.21	0.27	0.20	0.24	0.18	0.19	0.13	0.15	0.16	0.17	0.25	0.18
Z-A-02	0.23	0.20	0.18	0.22	0.26	0.23	0.22	0.20	0.26	0.22	0.27	0.19	0.16	0.11	0.15	0.16	0.15	0.23	0.15
Z-A-03	0.21	0.19	0.17	0.20	0.24	0.15	0.18	0.17	0.19	0.18	0.22	0.14	0.12	0.10	0.15	0.11	0.12	0.19	0.14
Z-A-04	0.23	0.25	0.21	0.23	0.28	0.25	0.23	0.21	0.28	0.26	0.30	0.20	0.20	0.14	0.15	0.17	0.17	0.22	0.20
Z-A-05	0.20	0.25	0.19	0.23	0.17	0.21	0.28	0.25	0.28	0.18	0.23	0.23	0.18	0.21	0.17	0.18	0.21	0.14	0.12
Z-A-06	0.21	0.21	0.20	0.21	0.34	0.19	0.20	0.22	0.22	0.27	0.30	0.22	0.17	0.18	0.22	0.23	0.21	0.23	0.24
Z-A-07	0.23	0.18	0.16	0.13	0.27	0.12	0.24	0.17	0.19	0.23	0.28	0.20	0.09	0.12	0.19	0.16	0.17	0.27	0.17
Z-A-08	0.23	0.18	0.17	0.17	0.32	0.18	0.22	0.18	0.19	0.22	0.25	0.20	0.12	0.13	0.15	0.16	0.15	0.24	0.19
Z-A-09	0.21	0.21	0.17	0.20	0.23	0.19	0.23	0.19	0.26	0.21	0.25	0.19	0.14	0.09	0.16	0.10	0.13	0.22	0.12
Z-A-10	0.31	0.18	0.17	0.24	0.29	0.19	0.29	0.19	0.23	0.25	0.26	0.24	0.13	0.18	0.23	0.17	0.20	0.18	0.18
Z-A-11	0.17	0.20	0.16	0.17	0.21	0.20	0.22	0.18	0.24	0.19	0.23	0.18	0.16	0.11	0.12	0.10	0.14	0.21	0.13
Z-M-01	0.16	0.15	0.12	0.11	0.22	0.13	0.19	0.13	0.15	0.18	0.21	0.15	0.15	0.18	0.15	0.20	0.18	0.27	0.21
Z-M-02	0.17	0.11	0.12	0.16	0.22	0.13	0.17	0.14	0.16	0.17	0.27	0.20	0.18	0.24	0.26	0.22	0.25	0.28	0.21
D-A-01	0.19	0.18	0.17	0.17	0.21	0.17	0.19	0.19	0.19	0.19	0.24	0.17	0.12	0.10	0.15	0.13	0.14	0.23	0.14
D-A-02	0.18	0.19	0.16	0.18	0.19	0.16	0.20	0.21	0.21	0.13	0.17	0.16	0.12	0.12	0.13	0.12	0.13	0.17	0.13
D-A-03	0.18	0.21	0.16	0.21	0.20	0.22	0.22	0.19	0.21	0.18	0.21	0.17	0.17	0.13	0.11	0.14	0.15	0.20	0.13
D-A-04	0.19	0.24	0.19	0.26	0.23	0.22	0.21	0.26	0.27	0.21	0.25	0.23	0.18	0.19	0.20	0.20	0.23	0.23	0.13
D-A-05	0.21	0.21	0.17	0.19	0.23	0.20	0.21	0.21	0.23	0.19	0.21	0.16	0.14	0.11	0.14	0.18	0.16	0.18	0.16

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-A	G-A	G-A	G-A	G-A	G-C	G-C
	-01	-02	-03	-04	-05	-06	-07	-08	-09	-10	-11	-12	-01	-02	-03	-04	-05	-01	-02
D-A-06	0.25	0.13	0.11	0.16	0.26	0.16	0.24	0.15	0.20	0.22	0.27	0.21	0.11	0.16	0.21	0.14	0.19	0.23	0.18
D-A-07	0.24	0.20	0.19	0.22	0.20	0.20	0.24	0.20	0.23	0.19	0.20	0.17	0.18	0.17	0.20	0.12	0.16	0.16	0.15
D-A-08	0.25	0.21	0.22	0.21	0.22	0.22	0.22	0.24	0.25	0.19	0.23	0.19	0.18	0.18	0.21	0.13	0.16	0.17	0.19
D-A-09	0.22	0.24	0.20	0.20	0.19	0.19	0.23	0.25	0.26	0.16	0.19	0.18	0.15	0.17	0.18	0.15	0.14	0.22	0.13
D-A-10	0.26	0.15	0.14	0.19	0.23	0.19	0.26	0.18	0.20	0.19	0.21	0.19	0.14	0.19	0.17	0.19	0.20	0.21	0.16
D-A-11	0.17	0.17	0.14	0.16	0.20	0.18	0.17	0.17	0.20	0.18	0.23	0.13	0.14	0.13	0.12	0.11	0.15	0.19	0.10
D-A-12	0.19	0.17	0.15	0.19	0.21	0.22	0.19	0.19	0.24	0.15	0.21	0.15	0.15	0.12	0.11	0.12	0.13	0.17	0.10
D-C-01	0.21	0.23	0.21	0.26	0.23	0.22	0.21	0.24	0.29	0.20	0.25	0.23	0.18	0.21	0.22	0.12	0.18	0.20	0.13
D-C-02	0.26	0.22	0.20	0.26	0.23	0.23	0.25	0.23	0.28	0.18	0.24	0.20	0.17	0.18	0.17	0.14	0.18	0.21	0.12
D-C-03	0.22	0.17	0.16	0.14	0.23	0.19	0.22	0.19	0.21	0.21	0.26	0.21	0.14	0.15	0.18	0.17	0.19	0.25	0.18
D-C-04	0.22	0.18	0.16	0.21	0.20	0.20	0.22	0.20	0.24	0.14	0.21	0.18	0.15	0.15	0.17	0.11	0.15	0.17	0.09
S-A-01	0.20	0.16	0.15	0.16	0.23	0.16	0.15	0.16	0.19	0.16	0.20	0.10	0.11	0.09	0.13	0.11	0.10	0.21	0.15
S-A-02	0.23	0.20	0.21	0.26	0.25	0.22	0.18	0.23	0.29	0.22	0.27	0.18	0.18	0.20	0.23	0.17	0.19	0.25	0.17
S-A-03	0.24	0.23	0.24	0.27	0.27	0.30	0.26	0.26	0.29	0.23	0.26	0.21	0.24	0.19	0.15	0.20	0.20	0.23	0.19
S-A-04	0.14	0.18	0.12	0.15	0.15	0.17	0.20	0.18	0.21	0.16	0.20	0.15	0.13	0.12	0.12	0.11	0.15	0.20	0.11
S-A-05	0.18	0.18	0.15	0.14	0.19	0.14	0.18	0.17	0.21	0.16	0.21	0.14	0.11	0.10	0.15	0.12	0.14	0.25	0.15
S-A-06	0.30	0.32	0.28	0.30	0.34	0.30	0.32	0.34	0.31	0.29	0.23	0.28	0.23	0.21	0.20	0.28	0.27	0.33	0.25
S-A-07	0.17	0.20	0.19	0.18	0.21	0.18	0.17	0.20	0.21	0.15	0.18	0.11	0.15	0.13	0.12	0.13	0.12	0.22	0.16
S-A-08	0.24	0.16	0.12	0.11	0.21	0.11	0.21	0.16	0.16	0.22	0.27	0.19	0.07	0.14	0.18	0.15	0.18	0.28	0.18

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-A	G-A	G-A	G-A	G-A	G-C	G-C
	-01	-02	-03	-04	-05	-06	-07	-08	-09	-10	-11	-12	-01	-02	-03	-04	-05	-01	-02
S-M-01	0.22	0.14	0.15	0.15	0.26	0.14	0.20	0.15	0.15	0.21	0.20	0.17	0.18	0.21	0.23	0.25	0.23	0.32	0.26
S-M-02	0.21	0.15	0.18	0.18	0.28	0.19	0.20	0.17	0.17	0.20	0.18	0.18	0.21	0.24	0.19	0.26	0.22	0.31	0.26
P-M-01	0.21	0.29	0.26	0.31	0.25	0.28	0.27	0.31	0.35	0.23	0.30	0.31	0.32	0.28	0.25	0.27	0.29	0.25	0.22
P-M-02	0.24	0.25	0.21	0.24	0.23	0.29	0.29	0.25	0.31	0.22	0.29	0.25	0.30	0.25	0.23	0.23	0.26	0.29	0.24
P-M-03	0.18	0.24	0.21	0.25	0.21	0.27	0.22	0.26	0.30	0.21	0.26	0.26	0.28	0.25	0.21	0.25	0.25	0.23	0.20
P-M-04	0.22	0.29	0.25	0.29	0.25	0.29	0.28	0.29	0.35	0.25	0.33	0.31	0.30	0.29	0.29	0.29	0.30	0.31	0.25
P-M-05	0.20	0.26	0.23	0.27	0.24	0.28	0.25	0.27	0.32	0.22	0.29	0.28	0.29	0.26	0.25	0.25	0.27	0.27	0.22
P-M-06	0.17	0.27	0.25	0.27	0.28	0.32	0.23	0.27	0.34	0.26	0.31	0.27	0.34	0.27	0.23	0.28	0.28	0.29	0.27
P-M-07	0.20	0.29	0.25	0.30	0.25	0.28	0.26	0.30	0.35	0.21	0.28	0.29	0.31	0.29	0.26	0.28	0.29	0.24	0.20
P-M-08	0.23	0.27	0.24	0.27	0.33	0.31	0.30	0.27	0.32	0.32	0.36	0.32	0.33	0.34	0.29	0.34	0.35	0.35	0.33
P-M-09	0.30	0.30	0.26	0.31	0.27	0.32	0.35	0.32	0.37	0.26	0.32	0.32	0.32	0.29	0.26	0.29	0.30	0.29	0.26
P-M-10	0.22	0.28	0.25	0.29	0.27	0.29	0.27	0.30	0.37	0.24	0.31	0.30	0.31	0.29	0.28	0.28	0.29	0.28	0.23
P-M-11	0.21	0.33	0.30	0.33	0.31	0.36	0.28	0.33	0.39	0.30	0.34	0.32	0.38	0.31	0.26	0.31	0.31	0.32	0.30
P-M-12	0.24	0.33	0.29	0.34	0.29	0.33	0.31	0.35	0.38	0.27	0.31	0.32	0.32	0.29	0.24	0.28	0.30	0.25	0.23
P-M-13	0.33	0.42	0.39	0.43	0.40	0.46	0.38	0.42	0.47	0.37	0.41	0.40	0.47	0.41	0.37	0.39	0.42	0.39	0.39
P-M-14	0.23	0.32	0.30	0.33	0.29	0.35	0.30	0.33	0.38	0.28	0.31	0.32	0.37	0.32	0.27	0.31	0.33	0.28	0.28
P-M-15	0.28	0.35	0.31	0.36	0.33	0.35	0.33	0.36	0.40	0.30	0.34	0.35	0.34	0.31	0.30	0.30	0.32	0.30	0.26
P-M-16	0.22	0.34	0.32	0.34	0.31	0.38	0.29	0.32	0.36	0.31	0.36	0.32	0.40	0.32	0.26	0.33	0.33	0.32	0.32
P-M-17	0.22	0.30	0.28	0.32	0.27	0.33	0.29	0.31	0.34	0.27	0.33	0.30	0.35	0.30	0.29	0.29	0.32	0.30	0.26

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-M	G-A	G-A	G-A	G-A	G-A	G-C	G-C
	-01	-02	-03	-04	-05	-06	-07	-08	-09	-10	-11	-12	-01	-02	-03	-04	-05	-01	-02
P-M-18	0.28	0.38	0.35	0.39	0.33	0.41	0.36	0.39	0.42	0.34	0.39	0.38	0.43	0.37	0.33	0.37	0.39	0.34	0.34
P-M-19	0.23	0.24	0.20	0.24	0.23	0.26	0.27	0.24	0.31	0.20	0.25	0.24	0.28	0.22	0.20	0.22	0.23	0.19	0.20
P-M-20	0.29	0.38	0.34	0.37	0.32	0.36	0.36	0.39	0.39	0.31	0.35	0.35	0.37	0.34	0.32	0.32	0.37	0.31	0.25
P-M-21	0.21	0.28	0.24	0.28	0.26	0.27	0.26	0.28	0.35	0.24	0.31	0.29	0.29	0.27	0.26	0.26	0.30	0.31	0.23
P-M-22	0.20	0.30	0.26	0.30	0.27	0.33	0.27	0.30	0.36	0.26	0.33	0.30	0.35	0.31	0.26	0.29	0.33	0.33	0.28
P-Mi-01	0.25	0.25	0.22	0.25	0.27	0.25	0.27	0.26	0.34	0.25	0.30	0.26	0.27	0.23	0.27	0.23	0.26	0.30	0.24
P-Mi-02	0.23	0.19	0.18	0.21	0.23	0.24	0.20	0.20	0.27	0.20	0.23	0.18	0.22	0.17	0.21	0.17	0.19	0.24	0.20
P-Mi-03	0.34	0.29	0.27	0.32	0.33	0.29	0.32	0.30	0.39	0.27	0.35	0.29	0.30	0.28	0.33	0.28	0.30	0.25	0.26
O-Hu-01	0.31	0.31	0.32	0.37	0.32	0.36	0.34	0.35	0.35	0.28	0.29	0.31	0.37	0.32	0.27	0.30	0.30	0.26	0.27
H-M-01	0.13	0.16	0.13	0.15	0.11	0.19	0.19	0.17	0.26	0.12	0.20	0.17	0.21	0.20	0.18	0.15	0.17	0.25	0.18
H-A-01	0.19	0.26	0.22	0.21	0.17	0.23	0.23	0.26	0.26	0.15	0.18	0.18	0.19	0.20	0.16	0.16	0.14	0.21	0.16
Z-A-12	0.24	0.21	0.19	0.23	0.27	0.22	0.23	0.22	0.27	0.20	0.25	0.19	0.16	0.13	0.17	0.13	0.15	0.22	0.15

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-C -03	Z-A -01	Z-A -02	Z-A -03	Z-A -04	Z-A -05	Z-A -06	Z-A -07	Z-A -08	Z-A -09	Z-A -10	Z-A -11	Z-M -01	Z-M -02	D-A -01	D-A -02	D-A -03	D-A -04	D-A -05
G-C-03	0.00																		
Z-A-01	0.18	0.00																	
Z-A-02	0.20	0.10	0.00																
Z-A-03	0.21	0.20	0.18	0.00															
Z-A-04	0.26	0.16	0.15	0.17	0.00														
Z-A-05	0.23	0.22	0.19	0.19	0.16	0.00													
Z-A-06	0.27	0.23	0.23	0.20	0.19	0.24	0.00												
Z-A-07	0.24	0.17	0.16	0.16	0.20	0.23	0.17	0.00											
Z-A-08	0.22	0.16	0.17	0.18	0.22	0.25	0.18	0.11	0.00										
Z-A-09	0.19	0.10	0.10	0.15	0.14	0.17	0.22	0.11	0.15	0.00									
Z-A-10	0.21	0.19	0.20	0.18	0.17	0.18	0.16	0.16	0.16	0.18	0.00								
Z-A-11	0.19	0.13	0.13	0.15	0.14	0.16	0.23	0.14	0.13	0.07	0.20	0.00							
Z-M-01	0.27	0.25	0.22	0.19	0.24	0.23	0.21	0.17	0.17	0.22	0.25	0.18	0.00						
Z-M-02	0.26	0.24	0.26	0.23	0.30	0.26	0.19	0.22	0.21	0.24	0.22	0.22	0.19	0.00					
D-A-01	0.23	0.17	0.15	0.10	0.18	0.18	0.22	0.14	0.16	0.12	0.20	0.13	0.19	0.23	0.00				
D-A-02	0.16	0.16	0.18	0.09	0.20	0.14	0.21	0.16	0.16	0.15	0.18	0.13	0.16	0.21	0.10	0.00			
D-A-03	0.18	0.16	0.16	0.15	0.15	0.17	0.23	0.19	0.18	0.14	0.20	0.10	0.17	0.22	0.14	0.12	0.00		
D-A-04	0.20	0.20	0.19	0.19	0.25	0.17	0.22	0.24	0.24	0.18	0.24	0.17	0.27	0.18	0.19	0.16	0.15	0.00	
D-A-05	0.23	0.15	0.15	0.15	0.13	0.15	0.17	0.18	0.19	0.15	0.15	0.15	0.20	0.25	0.12	0.14	0.16	0.18	0.00

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-C	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-M	Z-M	D-A	D-A	D-A	D-A	D-A
	-03	-01	-02	-03	-04	-05	-06	-07	-08	-09	-10	-11	-01	-02	-01	-02	-03	-04	-05
D-A-06	0.22	0.20	0.20	0.15	0.21	0.21	0.21	0.14	0.15	0.17	0.16	0.16	0.16	0.17	0.15	0.13	0.13	0.19	0.20
D-A-07	0.21	0.20	0.21	0.12	0.21	0.18	0.27	0.20	0.23	0.17	0.21	0.16	0.23	0.21	0.17	0.13	0.16	0.20	0.19
D-A-08	0.26	0.24	0.23	0.15	0.19	0.14	0.21	0.21	0.22	0.20	0.17	0.19	0.23	0.28	0.12	0.13	0.19	0.24	0.11
D-A-09	0.20	0.21	0.19	0.17	0.25	0.16	0.27	0.18	0.19	0.16	0.24	0.15	0.21	0.25	0.15	0.12	0.14	0.14	0.18
D-A-10	0.18	0.17	0.18	0.20	0.22	0.20	0.18	0.18	0.16	0.20	0.13	0.18	0.18	0.19	0.21	0.15	0.14	0.21	0.20
D-A-11	0.18	0.17	0.13	0.13	0.15	0.14	0.21	0.16	0.16	0.11	0.20	0.10	0.17	0.22	0.10	0.11	0.09	0.17	0.16
D-A-12	0.14	0.13	0.11	0.15	0.17	0.15	0.22	0.17	0.13	0.11	0.18	0.10	0.19	0.21	0.13	0.11	0.11	0.16	0.14
D-C-01	0.21	0.22	0.21	0.17	0.25	0.18	0.24	0.21	0.23	0.16	0.22	0.17	0.25	0.19	0.16	0.14	0.19	0.14	0.21
D-C-02	0.18	0.16	0.15	0.18	0.23	0.19	0.29	0.20	0.19	0.14	0.18	0.17	0.25	0.25	0.16	0.16	0.19	0.17	0.17
D-C-03	0.23	0.22	0.21	0.20	0.26	0.22	0.22	0.15	0.13	0.19	0.21	0.17	0.14	0.22	0.14	0.15	0.19	0.24	0.17
D-C-04	0.15	0.16	0.14	0.15	0.20	0.15	0.25	0.18	0.16	0.12	0.19	0.12	0.21	0.20	0.14	0.11	0.14	0.13	0.15
S-A-01	0.20	0.16	0.14	0.09	0.16	0.19	0.19	0.16	0.14	0.14	0.18	0.14	0.18	0.22	0.09	0.10	0.13	0.18	0.12
S-A-02	0.22	0.20	0.18	0.19	0.24	0.20	0.20	0.25	0.25	0.19	0.23	0.22	0.27	0.18	0.19	0.18	0.21	0.11	0.21
S-A-03	0.19	0.17	0.18	0.23	0.21	0.22	0.27	0.26	0.19	0.20	0.25	0.16	0.26	0.29	0.22	0.19	0.16	0.22	0.22
S-A-04	0.18	0.16	0.13	0.13	0.14	0.10	0.22	0.16	0.18	0.10	0.20	0.08	0.17	0.20	0.11	0.10	0.10	0.15	0.16
S-A-05	0.23	0.15	0.14	0.10	0.17	0.16	0.22	0.13	0.18	0.12	0.19	0.13	0.17	0.23	0.07	0.11	0.14	0.17	0.11
S-A-06	0.24	0.21	0.22	0.26	0.28	0.29	0.31	0.24	0.25	0.23	0.27	0.24	0.33	0.37	0.23	0.23	0.24	0.26	0.23
S-A-07	0.23	0.18	0.17	0.14	0.19	0.18	0.22	0.18	0.18	0.16	0.22	0.16	0.17	0.25	0.13	0.13	0.13	0.21	0.16
S-A-08	0.26	0.21	0.20	0.14	0.21	0.22	0.18	0.09	0.15	0.16	0.17	0.17	0.16	0.21	0.11	0.14	0.19	0.22	0.17

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-C	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-M	Z-M	D-A	D-A	D-A	D-A	D-A
	-03	-01	-02	-03	-04	-05	-06	-07	-08	-09	-10	-11	-01	-02	-01	-02	-03	-04	-05
S-M-01	0.30	0.27	0.25	0.22	0.28	0.31	0.21	0.21	0.22	0.27	0.23	0.27	0.18	0.21	0.25	0.24	0.24	0.31	0.25
S-M-02	0.27	0.26	0.27	0.26	0.30	0.33	0.23	0.23	0.20	0.28	0.24	0.26	0.16	0.21	0.26	0.25	0.24	0.32	0.25
P-M-01	0.16	0.25	0.28	0.31	0.33	0.29	0.30	0.32	0.30	0.25	0.34	0.24	0.29	0.23	0.31	0.26	0.27	0.22	0.31
P-M-02	0.24	0.24	0.26	0.29	0.28	0.30	0.35	0.29	0.26	0.22	0.34	0.18	0.26	0.28	0.26	0.25	0.23	0.30	0.27
P-M-03	0.17	0.22	0.25	0.27	0.28	0.27	0.25	0.29	0.28	0.25	0.31	0.21	0.27	0.21	0.27	0.23	0.23	0.21	0.27
P-M-04	0.27	0.28	0.28	0.33	0.31	0.29	0.32	0.31	0.34	0.25	0.35	0.24	0.30	0.22	0.30	0.27	0.24	0.20	0.31
P-M-05	0.21	0.24	0.26	0.29	0.30	0.29	0.29	0.29	0.29	0.24	0.32	0.22	0.28	0.21	0.28	0.24	0.25	0.22	0.29
P-M-06	0.25	0.26	0.27	0.32	0.30	0.32	0.29	0.32	0.27	0.25	0.36	0.20	0.25	0.23	0.31	0.28	0.24	0.26	0.30
P-M-07	0.19	0.28	0.27	0.31	0.34	0.27	0.30	0.31	0.30	0.25	0.35	0.24	0.28	0.22	0.31	0.26	0.26	0.20	0.31
P-M-08	0.34	0.33	0.31	0.38	0.36	0.36	0.29	0.31	0.28	0.32	0.36	0.27	0.25	0.22	0.38	0.34	0.26	0.28	0.37
P-M-09	0.23	0.26	0.29	0.33	0.33	0.31	0.38	0.32	0.29	0.25	0.35	0.22	0.30	0.32	0.31	0.28	0.28	0.32	0.31
P-M-10	0.22	0.27	0.28	0.32	0.32	0.30	0.30	0.30	0.33	0.25	0.35	0.24	0.31	0.24	0.32	0.27	0.25	0.20	0.30
P-M-11	0.26	0.29	0.32	0.36	0.33	0.35	0.33	0.36	0.31	0.30	0.40	0.24	0.30	0.29	0.36	0.31	0.25	0.26	0.34
P-M-12	0.18	0.27	0.28	0.30	0.33	0.28	0.31	0.32	0.31	0.26	0.34	0.24	0.30	0.28	0.33	0.26	0.23	0.20	0.31
P-M-13	0.33	0.39	0.44	0.44	0.46	0.45	0.45	0.46	0.41	0.40	0.47	0.35	0.42	0.35	0.46	0.40	0.35	0.36	0.45
P-M-14	0.25	0.31	0.33	0.35	0.35	0.33	0.33	0.36	0.33	0.31	0.40	0.25	0.32	0.26	0.37	0.31	0.26	0.25	0.35
P-M-15	0.22	0.29	0.28	0.34	0.36	0.34	0.34	0.33	0.32	0.28	0.37	0.26	0.33	0.29	0.35	0.30	0.28	0.23	0.34
P-M-16	0.26	0.31	0.34	0.36	0.35	0.37	0.35	0.37	0.33	0.31	0.41	0.25	0.30	0.28	0.36	0.34	0.29	0.32	0.36
P-M-17	0.27	0.32	0.32	0.33	0.36	0.34	0.32	0.35	0.34	0.29	0.38	0.26	0.30	0.24	0.33	0.29	0.29	0.27	0.33

Cuadro 2A. Continuación.

Población	G-C	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-M	Z-M	D-A	D-A	D-A	D-A	D-A
	-03	-01	-02	-03	-04	-05	-06	-07	-08	-09	-10	-11	-01	-02	-01	-02	-03	-04	-05
P-M-18	0.29	0.35	0.36	0.40	0.41	0.40	0.39	0.42	0.38	0.36	0.45	0.32	0.37	0.33	0.41	0.37	0.35	0.35	0.41
P-M-19	0.15	0.21	0.24	0.25	0.27	0.27	0.30	0.26	0.24	0.21	0.29	0.18	0.24	0.27	0.27	0.22	0.21	0.28	0.26
P-M-20	0.26	0.32	0.36	0.36	0.39	0.33	0.38	0.35	0.36	0.30	0.40	0.28	0.36	0.30	0.36	0.32	0.29	0.25	0.37
P-M-21	0.25	0.24	0.28	0.31	0.30	0.29	0.30	0.29	0.29	0.23	0.33	0.21	0.31	0.21	0.30	0.26	0.22	0.17	0.29
P-M-22	0.27	0.28	0.31	0.33	0.34	0.33	0.32	0.34	0.31	0.28	0.38	0.22	0.31	0.25	0.33	0.29	0.24	0.23	0.33
P-Mi-01	0.28	0.20	0.22	0.28	0.28	0.27	0.34	0.25	0.26	0.17	0.29	0.21	0.31	0.27	0.24	0.24	0.21	0.24	0.26
P-Mi-02	0.25	0.17	0.16	0.21	0.22	0.21	0.30	0.24	0.22	0.16	0.25	0.17	0.22	0.25	0.17	0.19	0.15	0.19	0.18
P-Mi-03	0.30	0.27	0.28	0.31	0.27	0.25	0.31	0.33	0.32	0.24	0.26	0.29	0.36	0.31	0.30	0.27	0.27	0.26	0.24
O-Hu-01	0.20	0.30	0.33	0.34	0.38	0.35	0.39	0.40	0.30	0.32	0.34	0.29	0.31	0.33	0.34	0.30	0.24	0.31	0.34
H-M-01	0.22	0.19	0.20	0.22	0.21	0.18	0.30	0.22	0.22	0.17	0.26	0.13	0.18	0.21	0.19	0.17	0.16	0.25	0.21
H-A-01	0.24	0.25	0.23	0.18	0.25	0.16	0.29	0.21	0.21	0.20	0.27	0.17	0.18	0.28	0.17	0.12	0.16	0.24	0.21
Z-A-12	0.18	0.11	0.07	0.17	0.18	0.20	0.24	0.14	0.13	0.09	0.17	0.13	0.25	0.24	0.15	0.15	0.16	0.19	0.18

Cuadro 2A. Continuación.

Población	D-A -06	D-A -07	D-A -08	D-A -09	D-A -10	D-A -11	D-A -12	D-C -01	D-C -02	D-C -03	D-C -04	S-A -01	S-A -02	S-A -03	S-A -04	S-A -05	S-A -06	S-A -07	S-A -08
D-A-06	0.00																		
D-A-07	0.17	0.00																	
D-A-08	0.18	0.16	0.00																
D-A-09	0.19	0.18	0.17	0.00															
D-A-10	0.16	0.18	0.23	0.20	0.00														
D-A-11	0.14	0.16	0.16	0.15	0.15	0.00													
D-A-12	0.13	0.17	0.16	0.14	0.14	0.07	0.00												
D-C-01	0.18	0.15	0.16	0.16	0.23	0.15	0.14	0.00											
D-C-02	0.20	0.19	0.20	0.16	0.19	0.16	0.12	0.15	0.00										
D-C-03	0.14	0.22	0.15	0.15	0.17	0.15	0.12	0.19	0.20	0.00									
D-C-04	0.15	0.15	0.17	0.11	0.14	0.11	0.08	0.12	0.09	0.16	0.00								
S-A-01	0.15	0.15	0.12	0.14	0.15	0.11	0.11	0.17	0.15	0.16	0.13	0.00							
S-A-02	0.21	0.20	0.21	0.19	0.19	0.17	0.16	0.14	0.18	0.24	0.15	0.13	0.00						
S-A-03	0.24	0.24	0.25	0.21	0.17	0.15	0.12	0.26	0.22	0.22	0.18	0.18	0.22	0.00					
S-A-04	0.14	0.14	0.17	0.12	0.15	0.06	0.09	0.16	0.16	0.17	0.10	0.12	0.17	0.16	0.00				
S-A-05	0.15	0.14	0.11	0.14	0.18	0.12	0.14	0.17	0.17	0.14	0.14	0.08	0.15	0.21	0.10	0.00			
S-A-06	0.31	0.32	0.30	0.26	0.25	0.24	0.22	0.31	0.25	0.28	0.23	0.22	0.29	0.16	0.24	0.22	0.00		
S-A-07	0.20	0.15	0.15	0.14	0.16	0.11	0.14	0.21	0.20	0.18	0.16	0.09	0.17	0.19	0.12	0.10	0.26	0.00	
S-A-08	0.12	0.18	0.16	0.17	0.16	0.15	0.18	0.20	0.22	0.12	0.18	0.14	0.21	0.26	0.14	0.10	0.27	0.16	0.00

Cuadro 2A. Continuación.

Población	D-A -06	D-A -07	D-A -08	D-A -09	D-A -10	D-A -11	D-A -12	D-C -01	D-C -02	D-C -03	D-C -04	S-A -01	S-A -02	S-A -03	S-A -04	S-A -05	S-A -06	S-A -07	S-A -08
S-M-01	0.24	0.28	0.29	0.29	0.19	0.22	0.26	0.34	0.29	0.26	0.29	0.20	0.29	0.29	0.24	0.23	0.27	0.21	0.20
S-M-02	0.25	0.29	0.28	0.29	0.18	0.23	0.23	0.32	0.29	0.22	0.27	0.21	0.30	0.25	0.26	0.26	0.25	0.21	0.24
P-M-01	0.33	0.30	0.37	0.29	0.29	0.27	0.24	0.24	0.27	0.33	0.23	0.33	0.26	0.27	0.25	0.32	0.32	0.35	0.33
P-M-02	0.28	0.29	0.32	0.28	0.30	0.22	0.19	0.29	0.26	0.27	0.23	0.27	0.34	0.28	0.23	0.27	0.34	0.30	0.30
P-M-03	0.29	0.26	0.33	0.27	0.25	0.23	0.20	0.22	0.26	0.30	0.23	0.28	0.25	0.23	0.22	0.28	0.31	0.30	0.29
P-M-04	0.30	0.30	0.36	0.26	0.31	0.28	0.25	0.24	0.27	0.33	0.23	0.32	0.26	0.33	0.25	0.30	0.36	0.35	0.33
P-M-05	0.31	0.28	0.35	0.27	0.28	0.26	0.22	0.22	0.26	0.31	0.22	0.30	0.26	0.29	0.24	0.29	0.34	0.33	0.31
P-M-06	0.33	0.31	0.36	0.32	0.30	0.24	0.23	0.26	0.29	0.31	0.27	0.30	0.30	0.27	0.25	0.31	0.37	0.31	0.36
P-M-07	0.33	0.30	0.35	0.27	0.28	0.26	0.24	0.21	0.26	0.33	0.22	0.32	0.26	0.30	0.25	0.30	0.35	0.32	0.34
P-M-08	0.29	0.36	0.42	0.34	0.29	0.31	0.30	0.31	0.37	0.32	0.33	0.37	0.36	0.32	0.30	0.38	0.43	0.36	0.35
P-M-09	0.33	0.34	0.37	0.30	0.31	0.28	0.24	0.31	0.28	0.33	0.25	0.33	0.35	0.29	0.26	0.32	0.35	0.36	0.33
P-M-10	0.30	0.31	0.36	0.25	0.30	0.27	0.24	0.23	0.27	0.33	0.23	0.32	0.26	0.31	0.26	0.31	0.36	0.35	0.34
P-M-11	0.33	0.35	0.40	0.32	0.34	0.28	0.27	0.29	0.33	0.35	0.31	0.35	0.34	0.29	0.29	0.36	0.39	0.36	0.40
P-M-12	0.31	0.31	0.37	0.26	0.29	0.27	0.24	0.23	0.28	0.33	0.24	0.33	0.28	0.27	0.25	0.32	0.33	0.35	0.35
P-M-13	0.42	0.40	0.49	0.40	0.43	0.39	0.37	0.36	0.41	0.44	0.39	0.44	0.44	0.41	0.40	0.47	0.48	0.45	0.49
P-M-14	0.34	0.32	0.41	0.31	0.32	0.31	0.29	0.29	0.34	0.37	0.30	0.36	0.33	0.30	0.29	0.37	0.39	0.36	0.40
P-M-15	0.33	0.33	0.39	0.29	0.34	0.31	0.27	0.26	0.29	0.36	0.26	0.35	0.30	0.33	0.30	0.35	0.37	0.38	0.37
P-M-16	0.39	0.33	0.42	0.38	0.35	0.31	0.30	0.31	0.35	0.37	0.33	0.37	0.37	0.32	0.32	0.38	0.41	0.37	0.40
P-M-17	0.35	0.30	0.39	0.33	0.32	0.28	0.27	0.27	0.32	0.34	0.28	0.34	0.32	0.34	0.28	0.35	0.42	0.35	0.36

Cuadro 2A. Continuación.

Población	D-A -06	D-A -07	D-A -08	D-A -09	D-A -10	D-A -11	D-A -12	D-C -01	D-C -02	D-C -03	D-C -04	S-A -01	S-A -02	S-A -03	S-A -04	S-A -05	S-A -06	S-A -07	S-A -08
P-M-18	0.43	0.37	0.46	0.40	0.38	0.36	0.34	0.34	0.39	0.42	0.36	0.42	0.39	0.36	0.35	0.43	0.45	0.43	0.43
P-M-19	0.28	0.24	0.31	0.26	0.25	0.20	0.18	0.25	0.24	0.27	0.22	0.26	0.31	0.22	0.21	0.27	0.31	0.28	0.30
P-M-20	0.36	0.32	0.41	0.30	0.36	0.32	0.31	0.28	0.34	0.38	0.30	0.38	0.35	0.37	0.30	0.36	0.42	0.38	0.38
P-M-21	0.28	0.30	0.36	0.24	0.29	0.26	0.23	0.23	0.26	0.32	0.21	0.30	0.25	0.29	0.23	0.30	0.32	0.33	0.33
P-M-22	0.31	0.33	0.38	0.28	0.33	0.27	0.25	0.27	0.30	0.33	0.27	0.33	0.32	0.31	0.26	0.33	0.37	0.35	0.37
P-Mi-01	0.24	0.27	0.31	0.23	0.27	0.23	0.20	0.27	0.26	0.27	0.22	0.25	0.29	0.27	0.22	0.24	0.30	0.26	0.29
P-Mi-02	0.19	0.21	0.21	0.15	0.21	0.17	0.13	0.22	0.18	0.18	0.16	0.17	0.21	0.20	0.17	0.18	0.28	0.20	0.24
P-Mi-03	0.29	0.31	0.29	0.26	0.30	0.28	0.24	0.30	0.26	0.33	0.22	0.28	0.28	0.33	0.28	0.30	0.37	0.32	0.34
O-Hu-01	0.32	0.33	0.36	0.30	0.30	0.28	0.25	0.33	0.30	0.34	0.29	0.31	0.36	0.28	0.32	0.37	0.36	0.31	0.40
H-M-01	0.20	0.19	0.21	0.16	0.21	0.14	0.12	0.20	0.18	0.19	0.15	0.17	0.23	0.21	0.10	0.17	0.31	0.17	0.22
H-A-01	0.23	0.17	0.17	0.11	0.21	0.14	0.15	0.18	0.20	0.16	0.16	0.16	0.23	0.22	0.13	0.16	0.31	0.10	0.20
Z-A-12	0.18	0.20	0.22	0.17	0.19	0.14	0.11	0.18	0.13	0.22	0.11	0.14	0.19	0.18	0.14	0.15	0.22	0.17	0.20

Cuadro 2A. Continuación.

Población	S-M -01	S-M -02	P-M -01	P-M -02	P-M -03	P-M -04	P-M -05	P-M -06	P-M -07	P-M -08	P-M -09	P-M -10	P-M -11	P-M -12	P-M -13	P-M -14	P-M -15	P-M -16	P-M -17
S-M-01	0.00																		
S-M-02	0.09	0.00																	
P-M-01	0.33	0.32	0.00																
P-M-02	0.33	0.31	0.21	0.00															
P-M-03	0.28	0.28	0.05	0.19	0.00														
P-M-04	0.37	0.36	0.16	0.17	0.16	0.00													
P-M-05	0.34	0.32	0.11	0.14	0.11	0.08	0.00												
P-M-06	0.31	0.29	0.16	0.15	0.14	0.14	0.12	0.00											
P-M-07	0.32	0.31	0.10	0.23	0.14	0.19	0.15	0.15	0.00										
P-M-08	0.31	0.29	0.24	0.23	0.22	0.16	0.18	0.12	0.22	0.00									
P-M-09	0.36	0.34	0.17	0.07	0.17	0.18	0.14	0.15	0.20	0.23	0.00								
P-M-10	0.34	0.34	0.14	0.17	0.13	0.07	0.08	0.10	0.14	0.15	0.15	0.00							
P-M-11	0.37	0.34	0.15	0.17	0.16	0.14	0.13	0.08	0.16	0.12	0.16	0.11	0.00						
P-M-12	0.39	0.36	0.13	0.26	0.15	0.19	0.17	0.20	0.14	0.22	0.24	0.14	0.14	0.00					
P-M-13	0.49	0.44	0.25	0.21	0.26	0.25	0.22	0.20	0.22	0.23	0.21	0.21	0.15	0.24	0.00				
P-M-14	0.37	0.35	0.15	0.19	0.14	0.12	0.12	0.11	0.17	0.13	0.17	0.09	0.08	0.16	0.17	0.00			
P-M-15	0.42	0.39	0.15	0.21	0.19	0.13	0.12	0.14	0.16	0.15	0.19	0.09	0.11	0.12	0.20	0.13	0.00		
P-M-16	0.38	0.34	0.16	0.18	0.16	0.17	0.12	0.09	0.18	0.15	0.18	0.16	0.10	0.18	0.17	0.14	0.15	0.00	
P-M-17	0.37	0.35	0.17	0.10	0.16	0.14	0.09	0.14	0.20	0.20	0.13	0.15	0.16	0.23	0.17	0.15	0.18	0.14	0.00

Cuadro 2A. Continuación.

Población	S-M -01	S-M -02	P-M -01	P-M -02	P-M -03	P-M -04	P-M -05	P-M -06	P-M -07	P-M -08	P-M -09	P-M -10	P-M -11	P-M -12	P-M -13	P-M -14	P-M -15	P-M -16	P-M -17
P-M-18	0.41	0.41	0.15	0.16	0.15	0.20	0.15	0.16	0.21	0.19	0.14	0.19	0.17	0.24	0.18	0.16	0.16	0.14	0.10
P-M-19	0.28	0.27	0.13	0.17	0.12	0.23	0.17	0.15	0.14	0.23	0.15	0.16	0.16	0.16	0.25	0.18	0.19	0.17	0.21
P-M-20	0.45	0.43	0.19	0.17	0.21	0.15	0.14	0.19	0.21	0.21	0.16	0.15	0.18	0.18	0.17	0.15	0.14	0.18	0.13
P-M-21	0.36	0.33	0.15	0.16	0.16	0.06	0.09	0.13	0.17	0.15	0.17	0.06	0.11	0.16	0.22	0.10	0.11	0.17	0.16
P-M-22	0.38	0.35	0.18	0.15	0.16	0.19	0.19	0.16	0.16	0.20	0.17	0.17	0.14	0.17	0.15	0.16	0.20	0.20	0.14
P-Mi-01	0.32	0.32	0.27	0.19	0.26	0.18	0.22	0.23	0.28	0.25	0.21	0.19	0.21	0.28	0.31	0.24	0.24	0.28	0.27
P-Mi-02	0.29	0.27	0.29	0.25	0.25	0.26	0.28	0.29	0.29	0.32	0.30	0.26	0.30	0.27	0.39	0.30	0.30	0.35	0.33
P-Mi-03	0.37	0.37	0.31	0.25	0.31	0.22	0.26	0.29	0.31	0.31	0.26	0.22	0.28	0.32	0.36	0.29	0.27	0.34	0.31
O-Hu-01	0.34	0.29	0.26	0.30	0.26	0.33	0.31	0.27	0.27	0.32	0.29	0.30	0.25	0.23	0.32	0.25	0.30	0.30	0.33
H-M-01	0.26	0.24	0.23	0.18	0.20	0.23	0.21	0.22	0.22	0.28	0.23	0.23	0.25	0.26	0.34	0.26	0.28	0.27	0.26
H-A-01	0.29	0.28	0.32	0.29	0.29	0.33	0.31	0.31	0.30	0.36	0.33	0.32	0.35	0.32	0.43	0.34	0.36	0.36	0.34
Z-A-12	0.28	0.28	0.27	0.26	0.25	0.28	0.26	0.27	0.27	0.31	0.27	0.28	0.32	0.28	0.41	0.33	0.26	0.34	0.33

Cuadro 2A. Continuación.

Población	P-M -18	P-M -19	P-M -20	P-M -21	P-M -22	P-Mi -01	P-Mi -02	P-Mi -03	O-Hu -01	H-M -01	H-A -01	Z-A -12
P-M-18	0.00											
P-M-19	0.20	0.00										
P-M-20	0.16	0.23	0.00									
P-M-21	0.20	0.21	0.15	0.00								
P-M-22	0.18	0.19	0.17	0.16	0.00							
P-Mi-01	0.32	0.25	0.26	0.16	0.27	0.00						
P-Mi-02	0.39	0.24	0.33	0.25	0.27	0.15	0.00					
P-Mi-03	0.36	0.29	0.31	0.20	0.33	0.12	0.19	0.00				
O-Hu-01	0.33	0.21	0.35	0.31	0.28	0.31	0.27	0.35	0.00			
H-M-01	0.31	0.18	0.31	0.22	0.22	0.21	0.17	0.28	0.29	0.00		
H-A-01	0.40	0.27	0.36	0.32	0.33	0.31	0.22	0.35	0.31	0.14	0.00	
Z-A-12	0.35	0.23	0.33	0.26	0.31	0.20	0.18	0.26	0.31	0.19	0.22	0.00

†Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca), H: híbrido; ††Tipos de chiles (A: ancho, M: mulato, C: cristalino, Mi: miahuateco, Hu: huacle).

Cuadro 3A. Vectores propios de los primeros cinco componentes principales obtenidos del análisis de 30 variables morfológicas de poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Variable [†]	CP1 ^{††}	CP2	CP3	CP4	CP5	Variable	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5
LHC	0.115	-0.159	0.065	0.366	-0.143	PCA	-0.181	0.069	0.145	0.080	-0.018
AHC	0.036	-0.260	0.361	-0.067	-0.141	NPE	0.057	0.112	-0.165	-0.050	0.219
IALHC	-0.072	-0.125	0.313	-0.471	-0.041	MAF	-0.254	0.118	0.069	0.168	-0.044
CTA	-0.193	0.133	-0.164	0.101	0.038	CUR	-0.010	0.320	0.233	-0.115	0.173
CAE	-0.135	0.010	0.263	0.243	0.081	NFP	-0.230	0.247	-0.066	-0.181	0.055
ALP	0.235	0.258	0.190	0.025	-0.268	RFP	0.167	0.321	0.136	-0.227	0.155
IALP	-0.176	0.127	-0.044	0.000	0.472	CMA	-0.198	-0.096	0.289	0.034	-0.068
DTA	0.249	0.202	0.119	-0.076	0.081	FFR	-0.072	-0.199	-0.109	-0.295	0.030
NBI	0.186	0.270	0.009	0.007	-0.294	LFR	0.216	0.288	0.068	0.148	0.026
NRB	-0.231	0.068	0.120	0.021	0.050	AFR	0.300	-0.018	0.153	0.014	0.087
IALHM	-0.124	-0.018	0.448	0.173	0.152	FFP	0.144	-0.120	0.193	-0.001	0.188
DFL	0.219	-0.242	-0.071	-0.150	0.131	LPF	0.213	0.044	0.128	-0.192	-0.278
MEC	0.116	-0.125	0.232	0.134	0.259	NLF	-0.044	0.379	0.004	0.066	-0.056
LCO	0.243	-0.038	-0.111	-0.138	0.074	DSE	0.224	-0.077	-0.018	0.346	0.063
LAN	0.217	-0.025	-0.147	0.244	0.170	NSF	0.160	-0.023	0.056	-0.094	0.422

[†]Variables (LHC: Longitud de la hoja cotiledónea, ANC: ancho de la hoja cotiledónea, IALHC: índice ancho-largo de hoja cotiledónea, CTA: color del tallo, CAE: antocianinas en los nudos, ALP: altura de planta, IALP: índice ancho-largo de la planta, DTA: diámetro de tallo, NBI: número de bifurcaciones, NRB: número de ramas después de la primera bifurcación, IALHM: índice ancho-largo de la hoja madura, DFL: Días a floración, MEC: mancha antocianínica externa en la corola, LCO: longitud de la corola, LAN: longitud de la antera, PCA: pigmentación del cáliz (coloración morada), NPE: número de pétalos, MAF: manchas antocianínicas en el fruto, CUR: cuajado del fruto, NFP: número de frutos por planta, RFP: rendimiento de fruto por planta, CMA: color del fruto maduro, FFR: forma del fruto, LFR: longitud del fruto, AFR: ancho del fruto, FFP: forma del fruto con la unión del pedicelo, LPF: longitud del pedicelo del fruto, NLF: número de lóculos por fruto, DSE: diámetro de semilla, NSF: número de semillas por fruto). ^{††}CP: Componente Principal 1, 2, 3, 4 y 5. Números en negritas: vectores propios mayores a 0.3 que relacionan a las variables morfológicas con mayor aportación a cada Componente Principal.

Cuadro 4A. Promedio de los descriptores empleados en la caracterización bioquímica de poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Población	Fla (mg kg ⁻¹)	Cap (SHU)	Dicap (SHU)	Tot_Cap (SHU)	Cap/ Dicap	Por_Cap (%)	Por_Dicap (%)	Color (ASTA)
G [†] -Mul ^{††} -02	159.5	779.0	437.1	1216.1	1.78	64.1	35.9	159.7
G-Mul-05	264.9	1299.4	603.0	1902.4	2.15	68.3	31.7	173.4
G-Mul-10	167.6	1036.6	711.2	1747.8	1.46	59.3	40.7	148.3
G-Anc-01	206.8	214.8	24.7	239.5	8.70	89.7	10.3	172.9
G-Anc-04	274.3	1416.1	1037.8	2453.9	1.36	57.7	42.3	103.6
G-Cri-01	213.5	603.9	475.2	1079.1	1.27	56.0	44.0	105.6
G-Cri-02	160.8	2692.1	2343.7	5035.8	1.15	53.5	46.5	82.8
Z-Anc-02	252.7	949.6	263.2	1212.8	3.61	78.3	21.7	128.8
Z-Anc-03	370.3	522.8	171.7	694.5	3.04	75.3	24.7	157.4
Z-Anc-04	260.8	252.5	84.2	336.7	3.00	75.0	25.0	115.9
Z-Anc-05	110.8	1019.3	271.9	1291.2	3.75	78.9	21.1	156.1
Z-Anc-09	209.5	723.5	228.7	952.2	3.16	76.0	24.0	146.3
Z-Anc-10	289.2	417.4	119.9	537.3	3.48	77.7	22.3	102.7
Z-Mul-01	164.9	386.8	119.9	506.7	3.23	76.3	23.7	184.9
Z-Mul-02	164.9	884.0	400.7	1284.7	2.21	68.8	31.2	154.6
D-Anc-03	229.7	361.3	106.2	467.5	3.40	77.3	22.7	121.2
D-Anc-04	268.9	155.0	45.2	200.3	3.43	77.4	22.6	177.1
D-Anc-06	289.2	315.9	22.3	338.2	14.17	93.4	6.6	190.0
D-Anc-07	220.3	169.2	69.4	238.6	2.44	70.9	29.1	193.4
D-Anc-08	148.7	238.5	85.1	323.6	2.80	73.7	26.3	139.0
D-Cri-03	191.9	460.2	224.3	684.5	2.05	67.2	32.8	92.8
D-Cri-04	177.0	1242.9	1170.6	2413.5	1.06	51.5	48.5	99.0
S-Anc-01	124.3	61.6	24.7	86.3	2.49	71.4	28.6	168.9
S-Anc-03	274.3	461.2	51.1	512.3	9.03	90.0	10.0	166.3
S-Anc-04	144.6	696.2	178.4	874.6	3.90	79.6	20.4	142.2
S-Anc-06	227.0	28.7	10.4	39.0	2.76	73.5	26.5	158.9

Cuadro 4A. Continuación.

Población	Fla (mg kg ⁻¹)	Cap (SHU)	Dicap (SHU)	Tot_Cap (SHU)	Cap/ Dicap	Por_Cap (%)	Por_Dicap (%)	Color (ASTA)
S-Mul-02	214.9	1012.7	434.8	1447.5	2.33	70.0	30.0	160.8
P-Mul-08	133.8	1356.0	1007.0	2363.0	1.35	57.4	42.6	131.1
P-Mul-09	158.1	2840.5	2063.1	4903.7	1.38	57.9	42.1	119.0
P-Mul-13	114.9	3575.3	3446.9	7022.3	1.04	50.9	49.1	121.1
P-Mul-18	91.9	812.8	412.2	1225.0	1.97	66.4	33.6	139.9
P-Mul-01	142.3	864.0	381.8	1245.9	2.26	69.4	30.6	114.6
P-Mia-01	279.7	2626.7	1447.5	4074.1	1.81	64.5	35.5	145.9
P-Mia-03	201.4	1488.5	739.3	2227.8	2.01	66.8	33.2	161.0
O-Hua-01	143.2	4316.2	2070.7	6386.8	2.08	67.6	32.4	159.5
H-Mul-01	268.9	786.3	226.2	1012.5	3.48	77.7	22.3	165.9
H-Anc-01	187.8	49.3	46.9	96.1	1.05	51.2	48.8	195.4
Promedio	202.8	1003.2	582.6	1585.8	3.0	69.7	30.3	144.8
Máximo	370.3	4316.2	3446.9	7022.3	14.2	93.4	49.1	195.4
Mínimo	91.9	28.7	10.4	39.0	1.0	50.9	6.6	82.8

Cuadro 4A. Continuación.

Población	Ac. grasos ($\mu\text{g mL}^{-1}$)	Lau (%)	Mir (%)	Mle (%)	Pal (%)	Ple (%)	Est (%)	Ole (%)	Lin (%)	AlfaLin (%)	Arq (%)
G-Mul-02	74.12	1.52	4.80	0.13	29.02	1.22	6.69	27.66	7.22	20.68	1.07
G-Mul-05	99.98	2.80	8.64	0.13	25.76	1.67	7.70	22.37	5.71	23.54	1.69
G-Mul-10	165.81	1.14	4.22	0.06	34.05	1.76	6.27	27.73	4.96	18.49	1.33
G-Anc-01	57.64	1.60	4.32	0.03	30.24	1.86	6.31	32.45	3.56	18.20	1.44
G-Anc-04	58.28	2.23	5.22	0.04	31.68	1.07	7.54	24.36	4.91	21.05	1.89
G-Cri-01	96.85	2.25	5.19	0.08	30.49	1.18	7.20	27.30	4.97	19.71	1.63
G-Cri-02	68.92	1.30	3.64	0.05	31.97	2.09	5.12	33.70	2.73	18.52	0.89
Z-Anc-02	48.86	1.61	5.84	0.07	30.91	1.57	5.96	27.14	3.56	22.19	1.14
Z-Anc-03	55.12	3.86	9.21	0.09	27.74	1.26	6.58	15.19	9.25	25.28	1.54
Z-Anc-04	83.64	3.47	7.73	0.08	26.78	1.49	6.23	20.42	5.25	27.57	0.99
Z-Anc-05	119.32	1.98	5.16	0.04	25.03	1.25	4.57	33.97	3.27	23.61	1.13
Z-Anc-09	87.14	2.81	6.19	0.06	26.87	1.27	5.48	24.68	5.32	26.40	0.92
Z-Anc-10	79.90	2.37	5.76	0.06	30.02	1.48	7.49	24.57	5.64	21.15	1.47
Z-Mul-01	143.34	1.69	4.35	0.03	36.43	1.34	7.22	26.47	3.82	17.13	1.51
Z-Mul-02	106.76	2.24	5.25	0.06	33.16	1.14	6.88	24.61	4.65	20.56	1.46
D-Anc-03	56.72	1.77	4.12	0.09	30.36	1.23	6.47	32.81	3.99	17.86	1.30
D-Anc-04	73.55	3.02	6.72	0.06	27.39	1.60	6.44	25.84	4.89	22.25	1.77
D-Anc-06	101.62	2.69	7.80	0.08	26.03	1.42	7.47	27.04	5.65	19.72	2.10
D-Anc-07	86.96	2.72	7.07	0.09	24.81	1.60	6.42	22.87	3.24	29.33	1.86
D-Anc-08	75.96	2.50	7.73	0.05	27.84	1.54	7.09	21.52	4.05	26.02	1.67
D-Cri-03	100.06	1.52	4.80	0.13	29.02	1.22	6.69	27.66	7.22	20.68	1.07
D-Cri-04	78.22	2.80	8.64	0.13	25.76	1.67	7.70	22.37	5.71	23.54	1.69
S-Anc-01	97.20	1.14	4.22	0.06	34.05	1.76	6.27	27.73	4.96	18.49	1.33
S-Anc-03	70.09	1.60	4.32	0.03	30.24	1.86	6.31	32.45	3.56	18.20	1.44
S-Anc-04	58.95	2.23	5.22	0.04	31.68	1.07	7.54	24.36	4.91	21.05	1.89
S-Anc-06	66.54	2.25	5.19	0.08	30.49	1.18	7.20	27.30	4.97	19.71	1.63
S-Mul-02	79.03	1.30	3.64	0.05	31.97	2.09	5.12	33.70	2.73	18.52	0.89

Cuadro 4A. Continuación.

Población	Ac. grasos ($\mu\text{g mL}^{-1}$)	Lau (%)	Mir (%)	Mle (%)	Pal (%)	Ple (%)	Est (%)	Ole (%)	Lin (%)	Alfalin (%)	Arq (%)
P-Mul-08	115.11	1.13	4.96	0.03	27.84	1.60	6.03	32.27	3.35	21.54	1.25
P-Mul-09	119.54	1.23	4.62	0.02	28.69	1.54	6.04	32.60	2.61	21.39	1.27
P-Mul-13	135.21	0.94	3.82	0.04	27.98	1.21	6.56	37.68	2.75	17.58	1.45
P-Mul-18	81.86	1.58	4.91	0.07	25.81	1.42	6.88	33.71	3.88	20.28	1.46
P-Mul-01	91.45	0.79	2.72	0.04	29.80	1.51	5.43	39.72	3.69	15.39	0.90
P-Mia-01	113.88	0.78	2.60	0.03	24.92	1.53	4.18	47.05	2.89	15.30	0.73
P-Mia-03	111.59	0.74	2.61	0.02	25.91	1.45	4.35	43.83	3.24	17.25	0.61
O-Hua-01	115.07	0.75	3.54	0.04	28.62	1.83	5.72	35.21	3.15	19.99	1.15
H-Mul-01	76.10	1.43	5.75	0.06	29.46	2.24	6.16	28.44	4.44	20.76	1.28
H-Anc-01	70.01	2.72	6.40	0.18	25.23	1.91	4.87	27.12	3.77	26.25	1.54
Promedio	89.74	1.89	5.47	0.06	28.59	1.54	6.28	29.20	4.65	20.97	1.35
Máximo	165.81	3.86	9.78	0.18	36.43	2.24	8.14	47.05	13.03	29.33	2.10
Mínimo	48.86	0.61	2.46	0.02	22.86	1.07	4.18	15.19	2.50	12.31	0.61

Cuadro 4A. Continuación.

Población	Carot (%)	Cript (%)	Anter (%)	Zeax (%)	Capsan (%)	Capso (%)	Violax (%)	FracAmar (%)	FracRoja (%)	FracRojo/ FracAmar
G-Mul-02	7.0	6.6	9.6	8.18	31.8	1.28	2.62	34.00	33.08	0.97
G-Mul-05	6.5	7.9	8.8	12.88	31.1	1.35	2.21	38.29	32.45	0.85
G-Mul-10	6.3	6.4	9.1	11.53	31.6	1.40	2.47	35.80	33.00	0.92
G-Anc-01	6.1	5.1	10.2	8.68	34.7	1.45	2.54	32.62	36.15	1.11
G-Anc-04	7.6	5.4	10.5	8.04	34.1	1.33	2.10	33.64	35.43	1.05
G-Cri-01	9.0	6.2	9.7	9.54	33.5	1.42	1.83	36.27	34.92	0.96
G-Cri-02	7.9	3.8	9.7	12.35	34.0	1.51	2.04	35.79	35.51	0.99
Z-Anc-02	6.8	5.2	10.4	7.34	35.1	1.38	2.48	32.22	36.48	1.13
Z-Anc-03	2.9	5.8	10.5	9.56	36.3	1.37	2.30	31.06	37.67	1.21
Z-Anc-04	8.5	5.7	10.4	5.59	34.3	1.39	2.18	32.37	35.69	1.10
Z-Anc-05	6.7	6.0	9.6	9.32	33.3	1.54	2.59	34.21	34.84	1.02
Z-Anc-09	3.0	3.3	11.6	6.41	38.0	1.79	2.62	26.93	39.79	1.48
Z-Anc-10	6.1	3.4	14.6	2.21	37.9	0.64	2.26	28.57	38.54	1.35
Z-Mul-01	2.9	5.4	9.7	8.44	33.6	1.39	2.50	28.94	34.99	1.21
Z-Mul-02	3.6	5.1	10.2	8.89	35.7	0.91	2.29	30.08	36.61	1.22
D-Anc-03	6.5	6.8	9.4	11.09	33.3	1.36	1.99	35.78	34.66	0.97
D-Anc-04	3.0	4.6	10.1	9.94	36.7	0.00	2.55	30.19	36.67	1.21
D-Anc-06	2.3	4.2	10.4	9.07	37.7	0.59	2.58	28.55	38.29	1.34
D-Anc-07	2.1	4.8	9.9	9.85	36.1	1.57	2.80	29.45	37.67	1.28
D-Anc-08	3.1	6.1	0.0	19.71	35.1	1.23	2.40	31.31	36.33	1.16
D-Cri-03	7.1	4.2	16.9	0.04	36.7	1.45	2.15	30.39	38.15	1.26
D-Cri-04	6.8	4.8	17.5	0.00	36.0	1.22	2.15	31.20	37.22	1.19
S-Anc-01	3.2	4.1	18.3	0.00	37.7	1.62	2.30	27.84	39.32	1.41
S-Anc-03	3.0	5.3	19.0	0.00	37.1	1.20	2.35	29.56	38.30	1.30
S-Anc-04	3.6	6.1	19.7	0.03	35.2	1.47	2.19	31.62	36.67	1.16
S-Anc-06	2.6	4.6	27.0	0.00	33.8	1.54	1.82	35.99	35.34	0.98
S-Mul-02	3.5	7.1	18.2	0.00	33.3	3.80	2.22	30.96	37.10	1.20

Cuadro 4A. Continuación.

Población	Carot (%)	Cript (%)	Anter (%)	Zeax (%)	Capsan (%)	Capso (%)	Violax (%)	FracAmar (%)	FracRoja (%)	FracRojo/ FracAmar
P-Mul-08	9.8	5.9	20.3	0.02	30.9	0.00	1.80	37.82	30.89	0.82
P-Mul-09	8.4	5.4	22.4	0.09	32.0	1.17	1.83	38.12	33.17	0.87
P-Mul-13	8.5	4.9	23.6	0.00	31.5	1.13	1.58	38.49	32.63	0.85
P-Mul-18	4.1	4.3	7.5	14.42	35.4	1.12	2.07	32.39	36.52	1.13
P-Mul-01	7.3	5.8	7.9	10.62	33.1	1.09	2.05	33.67	34.19	1.02
P-Mia-01	1.9	5.9	7.6	14.95	35.2	1.16	1.87	32.22	36.36	1.13
P-Mia-03	4.1	5.9	7.9	12.63	35.4	1.17	2.05	32.58	36.57	1.12
O-Hua-01	3.5	6.0	21.9	0.04	35.2	1.06	2.14	33.58	36.26	1.08
H-Mul-01	4.2	6.5	9.1	10.08	33.3	0.00	1.81	31.69	33.27	1.05
H-Anc-01	10.0	6.4	8.0	16.86	33.4	0.00	1.43	42.69	33.36	0.78
Promedio	5.4	5.4	12.6	7.25	34.6	1.22	2.20	32.89	35.79	1.10
Máximo	10.0	7.9	27.0	19.71	38.0	3.80	2.80	42.69	39.79	1.48
Mínimo	1.9	3.3	0.0	0.00	30.9	0.00	1.40	26.93	30.89	0.78

†Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca), H: híbrido; ††Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle). Variables (Fla: flavonoides, Cap: capsaicina, Dicap: dicapsaicina, Tot_Cap: capsaicinoides totales, Por_Cap: Porcentaje de capsaicina, Por_Dicap: Porcentaje de dicapsaicina, Ac. Grasos: ácidos grasos, Lau: ácido láurico, Mir: ácido mirístico, Mle: ácido miristoleico, Pal: ácido palmítico, Ple: ácido palmitoleico, Est: ácido esteárico, Ole: ácido oleico, Lin: ácido linoleico, Alfolin: ácido α -linolénico, Arq: ácido araquídico, Carot; β -caroteno, Cript: β -criptoxantina, Anter: anteraxantina, Zeax: zeaxantina, Capsan: capsantina, Capso: capsorrubina, Violax: violaxantina, FracAmar: fracción amarilla, FracRoja: fracción roja).

Cuadro 5A. Matriz de distancias Euclidianas generada con descriptores bioquímicos de poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Población	G-M -02	G-M -05	G-M -10	G-A -01	G-A -04	G-C -01	G-C -02	Z-A -02	Z-A -03	Z-A -04	Z-A -05	Z-A -09	Z-A -10	Z-M -01	Z-M -02	D-A -03	D-A -04	D-A -06	D-A -07
G [†] -M ^{††} -02	0.00																		
G-M-05	4.99	0.00																	
G-M-10	4.78	4.09	0.00																
G-A-01	6.05	6.56	7.66	0.00															
G-A-04	4.75	6.60	6.77	6.12	0.00														
G-C-01	4.29	4.13	4.14	6.77	4.75	0.00													
G-C-02	5.69	7.30	6.77	6.87	4.27	5.04	0.00												
Z-A-02	4.37	6.28	6.69	4.59	2.69	5.29	5.35	0.00											
Z-A-03	5.60	6.14	7.15	5.46	3.63	5.44	6.78	3.29	0.00										
Z-A-04	3.43	5.06	4.99	6.30	4.32	2.91	5.54	3.96	4.73	0.00									
Z-A-05	2.91	4.71	2.89	6.51	5.97	3.71	5.79	5.60	6.43	3.91	0.00								
Z-A-09	5.34	8.52	7.27	6.51	5.35	6.51	5.91	4.66	5.73	4.84	5.49	0.00							
Z-A-10	5.65	7.95	7.15	6.39	3.88	5.52	5.40	3.60	4.51	3.93	6.02	2.82	0.00						
Z-M-01	4.66	5.23	3.28	7.38	7.23	4.85	7.48	6.49	6.80	4.39	2.92	5.93	6.38	0.00					
Z-M-02	3.46	5.39	3.98	6.06	4.73	3.79	5.30	4.13	5.11	2.94	2.70	3.88	4.05	2.97	0.00				
D-A-03	4.35	5.24	6.48	4.25	3.59	4.44	5.54	3.17	4.53	4.13	5.60	6.38	5.32	6.96	4.96	0.00			
D-A-04	4.28	5.67	5.63	4.41	4.46	5.00	6.09	3.13	3.29	3.89	4.51	3.92	3.74	4.68	3.09	4.53	0.00		
D-A-06	6.11	6.74	5.97	6.02	6.53	6.33	7.27	5.43	5.50	5.48	5.41	4.60	4.93	4.92	4.05	6.52	2.93	0.00	
D-A-07	4.61	6.24	5.67	4.67	5.71	5.96	6.73	4.14	4.86	4.79	4.44	3.86	4.62	4.53	3.28	5.39	1.88	2.28	0.00

Cuadro 5A. Continuación.

Población	G-M -02	G-M -05	G-M -10	G-A -01	G-A -04	G-C -01	G-C -02	Z-A -02	Z-A -03	Z-A -04	Z-A -05	Z-A -09	Z-A -10	Z-M -01	Z-M -02	D-A -03	D-A -04	D-A -06	D-A -07
D-A-08	2.96	5.91	5.49	5.42	4.35	4.23	5.49	3.88	4.93	3.52	3.64	4.51	4.82	5.05	3.22	3.97	3.76	5.60	4.18
D-C-03	5.03	7.98	6.57	7.87	5.36	5.01	5.53	5.42	6.66	3.46	5.07	3.62	3.37	5.71	3.87	6.14	5.44	6.30	5.81
D-C-04	4.35	7.19	6.23	6.83	3.77	4.67	3.94	4.03	5.81	3.55	4.88	3.77	3.20	5.98	3.42	4.87	4.78	5.94	5.21
S-A-01	5.21	7.69	6.35	6.36	5.57	5.95	6.51	4.61	5.70	4.80	4.89	3.20	3.78	4.93	2.94	6.01	3.73	4.46	3.59
S-A-03	4.59	5.83	5.96	5.07	4.60	4.70	6.10	3.74	3.45	3.72	4.68	4.01	3.59	4.95	3.29	4.73	2.18	3.56	3.02
S-A-04	4.01	6.10	6.12	4.96	3.79	4.51	5.27	3.55	4.37	4.39	4.55	4.92	4.49	5.97	3.77	3.70	3.74	5.60	4.41
S-A-06	5.81	6.22	6.36	6.40	5.09	4.81	6.35	5.13	5.06	5.19	5.77	6.40	5.21	6.37	4.86	5.26	4.46	5.64	5.46
S-M-02	3.56	5.12	5.20	5.82	4.36	3.97	5.76	4.31	4.26	3.76	3.84	4.96	4.81	4.94	3.24	4.33	3.63	4.92	4.12
P-M-08	4.79	5.08	4.17	7.55	5.92	3.81	5.27	6.59	7.43	5.20	4.23	7.45	6.89	5.64	4.80	5.60	6.23	7.00	6.68
P-M-09	5.76	6.11	5.00	8.43	6.09	4.67	4.46	7.06	7.91	5.86	5.06	7.41	6.95	6.43	5.28	6.65	6.91	7.34	7.26
P-M-13	7.56	8.11	6.83	9.83	7.16	6.82	5.16	8.46	9.44	7.94	7.10	8.72	8.36	8.34	7.03	8.15	8.62	9.01	8.90
P-M-18	4.43	6.46	5.34	5.67	4.36	4.24	4.36	4.32	5.45	4.57	3.89	4.48	4.50	5.21	2.92	4.76	3.79	5.02	4.22
P-M-01	3.47	4.84	3.89	6.34	4.80	2.74	4.65	4.74	6.08	3.08	2.96	5.51	5.10	4.32	2.67	4.25	4.45	5.32	4.79
P-Mi-01	6.23	5.06	4.81	7.25	6.05	4.72	5.60	6.25	6.36	5.43	5.27	6.80	6.34	5.52	4.52	6.14	5.28	4.72	5.47
P-Mi-03	5.09	4.79	4.02	6.36	5.99	4.24	5.68	5.70	6.21	4.70	3.85	5.85	5.86	4.31	3.30	5.48	4.32	3.73	4.11
O-Hu-01	5.95	6.01	5.26	8.19	6.64	5.56	5.35	7.01	7.59	6.28	4.95	7.16	7.28	5.88	5.00	7.27	6.63	6.94	6.71
H-M-01	4.30	3.41	4.86	6.42	5.37	2.93	6.44	5.38	4.80	3.43	4.38	6.87	6.13	4.46	4.08	4.80	4.45	5.98	5.58
H-A-01	7.26	5.38	6.83	7.84	7.04	6.01	8.54	6.85	6.80	7.06	7.27	9.74	8.70	7.61	6.83	6.14	6.84	8.15	7.70

Cuadro 5A. Continuación.

Población	D-A -08	D-C -03	D-C -04	S-A -01	S-A -03	S-A -04	S-A -06	S-M -02	P-M -08	P-M -09	P-M -13	P-M -18	P-M -01	P-Mi -01	P-Mi -03	O-Hu -01	H-M -01	H-A -01
D-A-08	0.00																	
D-C-03	4.92	0.00																
D-C-04	4.44	2.50	0.00															
S-A-01	4.70	4.17	3.88	0.00														
S-A-03	4.46	4.81	4.24	3.50	0.00													
S-A-04	3.90	5.13	3.82	3.82	3.02	0.00												
S-A-06	6.22	6.07	5.23	4.84	3.72	3.59	0.00											
S-M-02	3.92	4.94	4.00	4.22	2.46	2.37	4.16	0.00										
P-M-08	6.04	6.07	5.17	6.43	5.91	5.00	4.69	4.78	0.00									
P-M-09	6.90	6.03	4.90	6.82	6.33	5.76	5.56	5.28	2.51	0.00								
P-M-13	8.51	7.63	6.20	8.12	8.21	7.31	7.20	7.15	4.48	2.71	0.00							
P-M-18	3.28	4.96	4.01	3.66	4.24	3.24	4.58	4.08	4.89	5.52	6.84	0.00						
P-M-01	3.45	4.46	3.74	4.90	4.59	4.14	5.08	3.88	3.50	4.45	6.45	3.16	0.00					
P-Mi-01	6.07	6.77	5.74	6.50	5.19	6.02	6.08	4.89	5.16	4.77	6.30	5.24	4.23	0.00				
P-Mi-03	4.85	5.94	5.15	5.22	4.37	5.03	5.44	4.02	4.58	4.86	6.67	4.08	3.06	2.15	0.00			
O-Hu-01	6.93	6.66	5.44	6.46	5.89	5.75	6.31	4.89	4.67	3.28	4.52	5.80	5.30	4.54	4.75	0.00		
H-M-01	4.64	6.21	5.79	6.20	4.33	4.87	5.01	3.93	4.88	5.96	8.00	5.10	3.96	4.92	4.55	5.98	0.00	
H-A-01	7.32	9.35	8.35	7.94	7.30	6.80	5.72	7.04	6.64	7.90	9.10	6.59	6.50	7.26	6.84	8.32	5.71	0.00

†Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; S: San Luis Potosí; D: Durango; P: Puebla; O: Oaxaca), H: híbrido. ††Tipos de chiles (A: ancho; M: mulato; C: cristalino; Mi: miahuateco; Hu: huacle).

Cuadro 6A. Vectores propios de los primeros cinco componentes principales para poblaciones nativas de chiles anchos de México obtenido con descriptores bioquímicos.

Variable	Componente principal				
	1	2	3	4	5
Flavonoides	-0.226	0.180	0.097	-0.189	-0.056
Capsaicina	0.355	-0.220	0.075	-0.219	0.309
Dicapsaicina	0.362	-0.264	0.153	-0.188	0.256
Color extraíble	-0.082	0.365	-0.310	-0.351	-0.080
Ácido miristoleico	-0.193	0.258	0.359	-0.055	-0.328
Ácido palmítico	-0.012	-0.271	-0.172	0.627	-0.193
Ácido palmitoleico	0.203	0.388	-0.151	0.233	-0.138
Ácido esteárico	-0.190	-0.286	0.343	0.304	-0.073
Ácido linoleico	-0.259	0.116	0.312	0.035	0.532
Ácido grasos	0.317	-0.068	-0.447	0.002	-0.026
β -criptoxantina	0.189	0.398	0.052	0.253	0.131
Anteraxantina	0.138	-0.257	0.123	-0.294	-0.475
Violaxantina	-0.304	-0.034	-0.349	0.072	0.358
Fracción amarilla	0.350	0.209	0.329	0.054	-0.015
Fracción roja	-0.365	-0.236	-0.144	-0.235	-0.076

Números en negritas: vectores propios mayores a 0.35 que relacionan a las variables químicas con mayor aportación a cada Componente Principal.

Cuadro 7A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-106* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-106</i>					
	A-150 [†]	B-151	C-156	D-157	E-160	F-163
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.850	0.000	0.150
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.889
G-Mul-10	0.000	0.000	0.100	0.600	0.000	0.300
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000	0.333
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.944	0.000	0.056
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.000	0.714	0.000	0.286
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.600	0.000	0.400
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.583	0.000	0.417
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.813	0.000	0.188
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.875	0.000	0.125
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.944	0.000	0.056
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.850	0.000	0.150
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.929	0.000	0.071
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.900	0.000	0.100
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.583	0.000	0.417
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000

Cuadro 7A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-106</i>					
	A-150	B-151	C-156	D-157	E-160	F-163
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000	0.333
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.563	0.000	0.438
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.750
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.700
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.750	0.000	0.250
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.571	0.000	0.429
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.200	0.350	0.450
Y-Dul-02	0.050	0.500	0.000	0.150	0.300	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.100	0.150	0.750
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.714	0.000	0.286
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.429	0.000	0.571

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 8A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms2-2* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms2-2</i>							
	A-136 [†]	B-137	C-138	D-147	E-148	F-149	G-150	H-151
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.250	0.200	0.150	0.300	0.100
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.625	0.188	0.000	0.188	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.556	0.444	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.688	0.125	0.000	0.188	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.550	0.200
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.200	0.100	0.000	0.500	0.200
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.444	0.056	0.000	0.389	0.111
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.500	0.300	0.000	0.150	0.050
Z-Anc-04	0.050	0.000	0.000	0.200	0.350	0.000	0.300	0.100
Z-Anc-05	0.111	0.000	0.000	0.333	0.444	0.056	0.056	0.000
Z-Anc-09	0.050	0.000	0.000	0.300	0.300	0.000	0.200	0.150
Z-Anc-10	0.063	0.000	0.000	0.188	0.250	0.000	0.250	0.250
Z-Mul-01	0.111	0.000	0.000	0.278	0.389	0.000	0.111	0.111
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.357	0.357	0.000	0.214	0.071
D-Anc-03	0.071	0.000	0.071	0.214	0.357	0.000	0.286	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.333	0.417	0.083	0.083	0.083
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.125	0.063	0.000	0.625	0.188
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.111	0.111	0.000	0.556	0.222
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.313	0.250	0.000	0.313	0.125
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.333	0.333	0.000	0.333	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.333	0.417	0.000	0.250	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.500	0.400	0.100	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.286	0.214	0.000	0.214	0.286

Cuadro 8A. Continuación.

Población	<i>Hpms2-2</i>							
	A-136	B-137	C-138	D-147	E-148	F-149	G-160	H-163
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.400	0.300	0.000	0.100	0.200
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.250	0.313	0.000	0.250	0.188
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.400	0.500	0.000	0.000	0.100
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.563	0.438	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.000	0.333	0.167
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.400	0.300	0.000	0.100	0.200
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.100	0.300	0.200
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.375	0.250	0.000	0.313	0.063
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.063	0.000	0.000	0.500	0.375	0.063
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.563	0.250	0.063
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.063	0.000	0.063	0.125	0.500	0.250
V-Piq-01	0.000	0.000	0.056	0.333	0.167	0.056	0.389	0.000
O-Chi-01	0.056	0.111	0.000	0.333	0.444	0.056	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.429	0.286	0.071	0.214	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.000	0.500	0.429
H-Mul-01	0.222	0.000	0.000	0.333	0.444	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.083	0.000	0.000	0.500	0.417	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 9A. Frecuencias alélicas para el locus *AF039662* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>AF039662</i>							
	A-111 [†]	B-112	C-114	D-115	E-116	F-121	G-124	H-130
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.100	0.200	0.000	0.100	0.100	0.450	0.000	0.050
G-Mul-05	0.350	0.150	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.188	0.000	0.813	0.000	0.000
G-Anc-01	0.438	0.000	0.000	0.000	0.000	0.563	0.000	0.000
G-Anc-04	0.333	0.056	0.000	0.056	0.000	0.556	0.000	0.000
G-Cri-01	0.111	0.056	0.000	0.000	0.000	0.833	0.000	0.000
G-Cri-02	0.350	0.050	0.000	0.000	0.000	0.600	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.650	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.200	0.000	0.050	0.000	0.050	0.700	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.250	0.000	0.000	0.050	0.050	0.650	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.700	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.278	0.000	0.000	0.000	0.000	0.556	0.111	0.056
Z-Anc-10	0.300	0.100	0.000	0.100	0.000	0.500	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.278	0.000	0.000	0.000	0.000	0.611	0.111	0.000
Z-Mul-02	0.444	0.000	0.000	0.056	0.000	0.444	0.000	0.056
D-Anc-03	0.222	0.000	0.000	0.111	0.000	0.611	0.056	0.000
D-Anc-04	0.214	0.000	0.143	0.000	0.000	0.500	0.000	0.143
D-Anc-06	0.300	0.000	0.050	0.100	0.000	0.450	0.050	0.050
D-Anc-07	0.313	0.000	0.063	0.000	0.063	0.375	0.000	0.188
D-Anc-08	0.200	0.000	0.100	0.150	0.050	0.500	0.000	0.000
D-Cri-03	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.350	0.050	0.250
D-Cri-04	0.333	0.000	0.000	0.083	0.000	0.500	0.000	0.083
S-Anc-01	0.250	0.000	0.000	0.050	0.000	0.700	0.000	0.000
S-Anc-03	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.750	0.150	0.000
S-Anc-04	0.389	0.000	0.000	0.000	0.000	0.611	0.000	0.000
S-Anc-06	0.150	0.000	0.000	0.100	0.000	0.500	0.250	0.000

Cuadro 9A. Continuación.

Población	AF039662							
	A-111	B-112	C-114	D-115	E-116	F-121	G-124	H-130
S-Mul-02	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.950	0.000	0.000
P-Mul-08	0.071	0.000	0.000	0.214	0.000	0.571	0.143	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.286	0.000	0.643	0.071	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.750	0.083	0.083
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.929	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.389	0.000	0.556	0.056	0.000
P-Mia-01	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.083	0.000
P-Mia-03	0.389	0.000	0.000	0.000	0.000	0.611	0.000	0.000
O-Hua-01	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000	0.556	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.429	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.571	0.000
Y-Dul-02	0.450	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000
Y-Dul-03	0.450	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.450
V-Piq-01	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.550
O-Chi-01	0.389	0.000	0.000	0.000	0.000	0.389	0.000	0.222
Z-Gua-01	0.350	0.000	0.000	0.050	0.000	0.550	0.000	0.050
H-Mor-01	0.150	0.000	0.000	0.200	0.000	0.650	0.000	0.000
H-Mul-01	0.450	0.000	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000	0.000
H-Anc-01	0.389	0.000	0.000	0.000	0.000	0.611	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 10A. Frecuencias alélicas para el locus *CM0005* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>CM0005</i>				
	A-153 [†]	B-156	C-157	D-159	E-160
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.150	0.000	0.850	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
Z-Anc-02	0.050	0.000	0.000	0.950	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.111	0.000	0.889	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.111	0.000	0.889	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.056	0.000	0.944	0.000
D-Anc-03	0.000	0.056	0.000	0.944	0.000
D-Anc-04	0.000	0.214	0.000	0.786	0.000
D-Anc-06	0.100	0.050	0.000	0.850	0.000
D-Anc-07	0.000	0.375	0.000	0.625	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000
D-Cri-04	0.000	0.083	0.000	0.917	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.150	0.000	0.850	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
S-Anc-06	0.250	0.050	0.000	0.700	0.000

Cuadro 10A. Continuación.

Población	CM0005				
	A-153	B-156	C-157	D-159	E-160
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
P-Mul-08	0.214	0.000	0.000	0.786	0.000
P-Mul-09	0.143	0.000	0.000	0.857	0.000
P-Mul-13	0.125	0.063	0.000	0.813	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
P-Mul-01	0.111	0.000	0.000	0.889	0.000
P-Mia-01	0.125	0.000	0.000	0.875	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.429	0.571	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.750	0.000	0.250	0.000
O-Chi-01	0.000	0.278	0.000	0.722	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.050	0.000	0.950	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 11A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-1* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-1</i>											
	A-258 [†]	B-259	C-260	D-269	E-272	F-273	G-279	H-280	I-281	J-284	K-285	L-287
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.111	0.222	0.167	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0.000
G-Mul-05	0.100	0.200	0.000	0.000	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.450	0.100	0.000
G-Mul-10	0.167	0.167	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000
G-Anc-01	0.063	0.438	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.083	0.250	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000
G-Cri-01	0.143	0.357	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.125	0.375	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.429	0.000	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.357	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.417	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.500	0.000	0.000	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.063	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.250	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.375	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.300	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.400	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.375	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.250	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.500	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.444	0.000	0.000	0.389	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.111	0.000
D-Anc-03	0.125	0.250	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.188	0.313	0.000
D-Anc-04	0.000	0.500	0.000	0.000	0.429	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000
D-Anc-06	0.000	0.500	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.350	0.000
D-Anc-07	0.000	0.357	0.000	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.143	0.286	0.000
D-Anc-08	0.000	0.500	0.000	0.000	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.350	0.000
D-Cri-03	0.083	0.417	0.000	0.000	0.417	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000
D-Cri-04	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.500	0.000	0.000	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.150	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.500	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.500	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.500	0.000	0.000	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.150	0.000	0.000

Cuadro 11A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-1</i>											
	A-258	B-259	C-260	D-269	E-272	F-273	G-279	H-280	I-281	J-284	K-285	L-287
S-Mul-02	0.000	0.500	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.500	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.500	0.000	0.000	0.313	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.250	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.300	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000
O-Hua-01	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.556	0.278	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.600	0.300	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.563	0.375	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.125	0.375	0.000	0.125	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125
O-Chi-01	0.000	0.444	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.500	0.000	0.000	0.438	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.000
H-Mor-01	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.350	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.350	0.000	0.000	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 12A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-274* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-274</i>						
	A-164 [†]	B-167	C-173	D-175	E-176	F-178	G-179
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.450	0.400	0.100	0.000
G-Mul-05	0.050	0.000	0.000	0.450	0.500	0.000	0.050
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.444	0.444	0.056	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.450	0.050	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.450	0.500	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.450	0.450	0.050	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.450	0.400	0.050	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.450	0.400	0.100	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.350	0.400	0.100	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	0.300	0.200	0.300	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.444	0.444	0.056	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.444	0.500	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.278	0.500	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.400	0.450	0.050	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.444	0.444	0.056	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.400	0.450	0.050	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.500	0.450	0.050	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.438	0.438	0.063	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.438	0.063	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.400	0.300	0.200	0.000

Cuadro 12A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-274</i>						
	A-164	B-167	C-173	D-175	E-176	F-178	G-179
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.500	0.417	0.083	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
P-Mul-01	0.056	0.000	0.056	0.278	0.611	0.000	0.056
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.429	0.357	0.143	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.389	0.278	0.222	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.350	0.650	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.400	0.600	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.100	0.100	0.350	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.100	0.400	0.000	0.000
O-Chil-01	0.000	0.111	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.150	0.000	0.000	0.150	0.250	0.250	0.150
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
H-Mul-01	0.100	0.000	0.100	0.200	0.600	0.000	0.100
H-Anc-01	0.100	0.000	0.200	0.050	0.650	0.000	0.100

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 13A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-62* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-62</i>								
	A-185 [†]	B-186	C-187	D-188	E-189	F-190	G-201	H-209	I-210
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.100	0.150	0.000	0.500	0.150	0.000	0.100	0.000	0.000
G-Mul-05	0.056	0.167	0.000	0.500	0.056	0.000	0.000	0.000	0.222
G-Mul-10	0.143	0.214	0.071	0.571	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.111	0.056	0.111	0.500	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.313	0.063	0.250	0.313	0.063	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.278	0.056	0.333	0.222	0.056	0.056	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.250	0.100	0.200	0.300	0.100	0.050	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.111	0.056	0.000	0.444	0.167	0.222	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.300	0.050	0.350	0.100	0.000	0.150	0.000	0.000	0.050
Z-Anc-04	0.000	0.167	0.111	0.389	0.111	0.167	0.000	0.000	0.056
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.222	0.556	0.000	0.000	0.000	0.167	0.056
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.438	0.500	0.063	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.063	0.063	0.563	0.063	0.188	0.063	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.778	0.111	0.111	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.050	0.000	0.250	0.550	0.100	0.000	0.000	0.050	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.125	0.625	0.125	0.063	0.063	0.000	0.000
D-Anc-04	0.056	0.000	0.444	0.389	0.056	0.056	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.050	0.050	0.350	0.100	0.350	0.000	0.000	0.100
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.722	0.000	0.222	0.000	0.000	0.056
D-Anc-08	0.000	0.000	0.100	0.450	0.200	0.250	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.071	0.000	0.714	0.000	0.143	0.000	0.000	0.071
D-Cri-04	0.000	0.000	0.222	0.222	0.222	0.333	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.800	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.750	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000	0.450	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.450	0.000	0.000	0.050

Cuadro 13A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-62</i>								
	A-185	B-186	C-187	D-188	E-189	F-190	G-201	H-209	I-210
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.800	0.100	0.100	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.300	0.650	0.050	0.000	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.357	0.214	0.286	0.000	0.000	0.143
P-Mul-13	0.000	0.000	0.167	0.333	0.167	0.167	0.000	0.000	0.167
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.188	0.625	0.000	0.000	0.000	0.188
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.250	0.250	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.900	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.875	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.875	0.125	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.556	0.000	0.000	0.333
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.611	0.111	0.222	0.000	0.000	0.056
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000	0.000	0.450	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.150	0.000	0.350

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 14A. Frecuencias alélicas para el locus *AF244121* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>AF244121</i>											
	A-221 [†]	B-222	C-223	D-240	E-241	F-242	G-243	H-244	I-245	J-246	K-247	L-248
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.056	0.056	0.000	0.111	0.167	0.000	0.333	0.222	0.056	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.438	0.563	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.063	0.000	0.438	0.313	0.000	0.125	0.063	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.125	0.000	0.000	0.375	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.400	0.100	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.556	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.063	0.000	0.000	0.000	0.250	0.438	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.111	0.333	0.444	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.375	0.500	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.278	0.000	0.167	0.444	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.400	0.000	0.100	0.300	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.071	0.000	0.000	0.214	0.286	0.000	0.143	0.286	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.389	0.500	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.050	0.000	0.000	0.200	0.350	0.000	0.150	0.250	0.000	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.417	0.000	0.083	0.167	0.000	0.000	0.000
D-Anc-04	0.111	0.000	0.000	0.000	0.111	0.222	0.000	0.278	0.278	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.056	0.000	0.000	0.000	0.278	0.278	0.000	0.167	0.222	0.000	0.000	0.000
D-Anc-07	0.222	0.000	0.000	0.000	0.222	0.444	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000
D-Anc-08	0.050	0.000	0.000	0.000	0.050	0.150	0.100	0.300	0.350	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.214	0.143	0.286	0.143	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.063	0.250	0.375	0.063	0.125	0.125	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.063	0.250	0.125	0.000	0.250	0.188
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.400	0.000	0.100	0.200	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.389	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.050	0.150	0.000	0.000	0.000	0.150	0.450	0.000	0.000	0.100	0.100

Cuadro 14A. Continuación.

Población	<i>AF244121</i>											
	A-221	B-222	C-223	D-240	E-241	F-242	G-243	H-244	I-245	J-246	K-247	L-248
S-Mul-02	0.000	0.000	0.389	0.000	0.000	0.000	0.056	0.389	0.000	0.000	0.167	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.450	0.000	0.000	0.000	0.050	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.429	0.000	0.000	0.000	0.071	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.278	0.000	0.000	0.278	0.000	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.250	0.500	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.214	0.000	0.000	0.071	0.000	0.357	0.071	0.000	0.286	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.450	0.050	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.250	0.450	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.100	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.667	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.556	0.000	0.000	0.278	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.313	0.375	0.000	0.063	0.188	0.063
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.200	0.400	0.100	0.050	0.050	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 15A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-148* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-148</i>						
	A-183 [†]	B-184	C-190	D-192	E-193	F-194	G-195
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.500	0.000	0.000	0.444	0.056	0.000	0.000
G-Mul-05	0.500	0.000	0.000	0.389	0.111	0.000	0.000
G-Mul-10	0.357	0.071	0.000	0.214	0.214	0.143	0.000
G-Anc-01	0.500	0.000	0.000	0.333	0.056	0.111	0.000
G-Anc-04	0.500	0.000	0.000	0.250	0.083	0.167	0.000
G-Cri-01	0.500	0.000	0.000	0.375	0.000	0.125	0.000
G-Cri-02	0.500	0.000	0.000	0.333	0.056	0.111	0.000
Z-Anc-02	0.500	0.000	0.000	0.450	0.050	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.500	0.000	0.000	0.222	0.000	0.278	0.000
Z-Anc-05	0.500	0.000	0.000	0.222	0.111	0.167	0.000
Z-Anc-09	0.500	0.000	0.000	0.143	0.143	0.214	0.000
Z-Anc-10	0.500	0.000	0.000	0.375	0.063	0.063	0.000
Z-Mul-01	0.500	0.000	0.000	0.222	0.167	0.111	0.000
Z-Mul-02	0.500	0.000	0.000	0.400	0.050	0.050	0.000
D-Anc-03	0.500	0.000	0.000	0.214	0.143	0.143	0.000
D-Anc-04	0.500	0.000	0.000	0.444	0.056	0.000	0.000
D-Anc-06	0.500	0.000	0.000	0.150	0.250	0.100	0.000
D-Anc-07	0.500	0.000	0.000	0.222	0.222	0.056	0.000
D-Anc-08	0.500	0.000	0.000	0.300	0.150	0.050	0.000
D-Cri-03	0.500	0.000	0.000	0.417	0.083	0.000	0.000
D-Cri-04	0.500	0.000	0.000	0.350	0.100	0.050	0.000
S-Anc-01	0.350	0.150	0.000	0.150	0.150	0.100	0.100
S-Anc-03	0.500	0.000	0.000	0.286	0.143	0.071	0.000
S-Anc-04	0.333	0.167	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000
S-Anc-06	0.450	0.050	0.000	0.050	0.400	0.050	0.000

Cuadro 15A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-148</i>						
	A-183	B-184	C-190	D-192	E-193	F-194	G-195
S-Mul-02	0.389	0.111	0.000	0.222	0.167	0.056	0.056
P-Mul-08	0.500	0.000	0.000	0.450	0.050	0.000	0.000
P-Mul-09	0.286	0.214	0.000	0.143	0.214	0.000	0.143
P-Mul-13	0.500	0.000	0.000	0.167	0.167	0.167	0.000
P-Mul-18	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000
P-Mul-01	0.500	0.000	0.000	0.222	0.111	0.167	0.000
P-Mia-01	0.500	0.000	0.000	0.250	0.000	0.250	0.000
P-Mia-03	0.500	0.000	0.000	0.200	0.000	0.300	0.000
O-Hua-01	0.357	0.143	0.000	0.071	0.357	0.071	0.000
Y-Dul-01	0.450	0.000	0.000	0.000	0.500	0.050	0.000
Y-Dul-02	0.450	0.050	0.000	0.000	0.400	0.100	0.000
Y-Dul-03	0.500	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000
V-Piq-01	0.500	0.000	0.375	0.125	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.500	0.000	0.000	0.111	0.222	0.111	0.056
Z-Gua-01	0.450	0.050	0.000	0.350	0.050	0.100	0.000
H-Mor-01	0.500	0.000	0.000	0.100	0.000	0.300	0.100
H-Mul-01	0.450	0.050	0.000	0.100	0.300	0.100	0.000
H-Anc-01	0.500	0.000	0.000	0.150	0.350	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 16A. Frecuencias alélicas para el locus *HpmsCASIG19* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>HpmsCASIG19</i>									
	A-217 [†]	B-219	C-220	D-221	E-222	F-223	G-224	H-225	I-227	J-229
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.071	0.214	0.071	0.643	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.833	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.357	0.214	0.000	0.429	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.750	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.250	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.313	0.000	0.688	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.357	0.000	0.500	0.143	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.875	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.167	0.000	0.611	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.300	0.000	0.500	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.286	0.071	0.214	0.429	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.500	0.000	0.214	0.286	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.250	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.300	0.000	0.700	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.222	0.000	0.778	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.278	0.000	0.722	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.438	0.000	0.563	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.200	0.000	0.800	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.222	0.000	0.111	0.000	0.556	0.111	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.357	0.000	0.643	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.889	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.750	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 16A. Continuación.

Población	<i>HpmsCASIG19</i>									
	A-217	B-219	C-220	D-221	E-222	F-223	G-224	H-225	I-227	J-229
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.222	0.000	0.778	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.222	0.000	0.778	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.417	0.000	0.583	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.833	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.167	0.333	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.900	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.700	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.900	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.167	0.667
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.444	0.000	0.556
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.875	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.900	0.000	0.100	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.333	0.500	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.100	0.500	0.000	0.400	0.000	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 17A. Frecuencias alélicas para el locus *CAN010950* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>CAN010950</i>				
	A-245 [†]	B-259	C-260	D-266	E-276
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.875	0.125	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.813	0.188	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.800	0.200	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.786	0.214	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.929	0.071	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.667	0.167	0.000	0.167
Z-Anc-10	0.000	0.833	0.167	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.417	0.583	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.944	0.056	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.875	0.125	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.850	0.150	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.889	0.111	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.800	0.200	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.857	0.143	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.938	0.063	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.900	0.100	0.000	0.000
S-Anc-04	0.063	0.188	0.750	0.000	0.000
S-Anc-06	0.150	0.150	0.700	0.000	0.000

Cuadro 17A. Continuación.

Población	CAN010950				
	A-245	B-259	C-260	D-266	E-276
S-Mul-02	0.000	0.143	0.857	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.143	0.857	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.611	0.389	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.600	0.400	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.333	0.667	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.563	0.438	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.313	0.688	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.188	0.813	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.750	0.250	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.667	0.333	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.857	0.143	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.357	0.643	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.750	0.250	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 18A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms2-13* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms2-13</i>										
	A-219 [†]	B-221	C-223	D-225	E-227	F-228	G-229	H-232	I-233	J-234	K-259
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.889	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.750	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.600	0.000	0.200	0.000	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.857	0.000	0.000	0.000	0.000	0.143	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.938	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.917	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.125	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.417	0.167	0.000	0.000	0.000	0.250	0.167	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.400	0.000	0.300	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.500	0.000	0.167	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.786	0.000	0.000	0.000	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.100	0.500	0.000	0.000	0.050	0.000	0.350	0.000	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.625	0.000	0.000	0.000	0.000	0.375	0.000	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.563	0.000	0.000	0.000	0.000	0.438	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.563	0.000	0.000	0.000	0.000	0.438	0.000	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.667	0.000	0.278	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.050	0.550	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.875	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.800	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.857	0.000	0.000	0.000	0.000	0.143	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.438	0.000	0.313	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.938	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.000	0.000	0.000

Cuadro 18A. Continuación.

Población	<i>Hpms2-13</i>										
	A-219	B-221	C-223	D-225	E-227	F-228	G-229	H-232	I-233	J-234	K-259
S-Mul-02	0.000	0.000	0.500	0.188	0.188	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.286	0.143	0.143	0.000	0.000	0.143	0.000	0.286	0.000
P-Mul-09	0.000	0.125	0.750	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.250	0.250	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.188	0.188	0.000	0.000	0.000	0.625	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.333	0.000	0.083	0.000	0.000	0.583	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.500	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.286	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.188	0.000	0.000	0.188	0.000	0.000	0.625
Y-Dul-02	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.500
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500
V-Piq-01	0.000	0.143	0.357	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.300	0.000	0.100	0.000	0.000	0.600	0.000	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.722	0.000	0.000	0.278	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.722	0.000	0.000	0.278	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 19A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-5* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-5</i>												
	A-297 [†]	B-301	C-305	D-306	E-307	F-308	G-309	H-310	I-311	J-312	K-315	L-315	M-318
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.143	0.429	0.286	0.143	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.417	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.917	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.083	0.000	0.083	0.333	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.400	0.000	0.200	0.100	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.111	0.111	0.000	0.222	0.000	0.556	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.333	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.444	0.000	0.000	0.000	0.222	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 19A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-5</i>												
	A-297	B-301	C-305	D-306	E-307	F-308	G-309	H-310	I-311	J-312	K-315	L-315	M-318
D-Anc-06	0.000	0.000	0.050	0.000	0.100	0.000	0.550	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.000	0.143	0.000	0.286	0.571	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.375	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.167	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.071	0.000	0.000	0.000	0.786	0.143	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.900	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.100	0.000	0.400	0.000	0.400	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111
S-Mul-02	0.000	0.000	0.250	0.000	0.200	0.000	0.350	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.188	0.000	0.375	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.438
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.600	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.300
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.250	0.250	0.250	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000

Cuadro 19A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-5</i>												
	A-297	B-301	C-305	D-306	E-307	F-308	G-309	H-310	I-311	J-312	K-315	L-315	M-318
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.900	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.875	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.125	0.000	0.125	0.000	0.250	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 20A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-168* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-168</i>									
	A-159 [†]	B-163	C-170	D-171	E-172	F-173	G-174	H-176	I-177	J-178
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.400	0.300	0.000	0.000	0.200
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.125	0.625	0.125	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.167	0.167	0.000	0.333	0.000	0.000	0.333
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.250	0.417	0.000	0.000	0.250
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.286	0.000	0.000	0.714	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.286	0.000	0.143	0.571	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.583	0.250	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.375	0.000	0.250	0.375	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.333	0.500	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.583	0.000	0.167	0.250	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.050	0.150	0.000	0.050	0.700	0.000	0.000	0.050
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.200	0.000	0.000	0.400
D-Anc-04	0.000	0.000	0.222	0.667	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.188	0.438	0.000	0.000	0.125
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.300	0.000	0.200	0.100
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.375	0.000	0.375	0.250	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.400	0.100	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.083	0.583	0.000	0.083	0.167	0.083	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.100	0.600	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.100	0.500	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.350	0.000	0.400	0.250	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.450	0.000	0.200	0.250	0.050	0.050	0.000

Cuadro 20A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-168</i>									
	A-159	B-163	C-170	D-171	E-172	F-173	G-174	H-176	I-177	J-178
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.150	0.450	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.350	0.500	0.050	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.417	0.417	0.083	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.750	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.600	0.000	0.000	0.400	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.333	0.333	0.000	0.167	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.667	0.000	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 21A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-172* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-172</i>									
	A-336 [†]	B-338	C-339	D-340	E-341	F-342	G-343	H-344	I-345	J-346
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.167	0.417	0.000	0.000	0.417	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.333	0.167	0.333	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.167	0.333	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.625	0.000	0.125	0.250	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.417	0.000	0.167	0.417	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.200	0.500	0.000	0.100	0.200	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.333	0.333	0.167	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.250	0.083	0.500	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.071	0.214	0.071	0.643	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.200	0.100	0.500	0.000	0.100	0.000	0.100	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	0.200	0.500	0.000	0.200	0.100	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.167	0.583	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.050	0.250	0.000	0.200	0.500	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.400	0.100	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.688	0.063	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.000	0.556	0.000	0.167	0.278	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.000	0.571	0.000	0.357	0.071	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.188	0.500	0.000	0.188	0.125	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.125	0.375	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.083	0.500	0.000	0.417	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.286	0.429	0.071	0.143	0.071	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.167	0.000	0.667	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.222	0.056	0.111	0.500	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.063	0.063	0.500	0.000	0.375	0.000	0.000	0.000

Cuadro 21A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-172</i>									
	A-336	B-338	C-339	D-340	E-341	F-342	G-343	H-344	I-345	J-346
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.250	0.333	0.000	0.333	0.083	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.188	0.375	0.000	0.000	0.313	0.125	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.250	0.500	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.250	0.250	0.000	0.000	0.250	0.250	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.125	0.000	0.375	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.125	0.000	0.625	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000
O-Hua-01	0.333	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.333
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000
V-Piq-01	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
O-Chi-01	0.500	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.500	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.875	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 22A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-214* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-214</i>													
	A-81 [†]	B-84	C-87	D-88	E-90	F-91	G-93	H-94	I-97	J-98	K-99	L-100	M-101	N-107
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.050	0.100	0.000	0.300	0.000	0.350	0.000	0.050	0.000	0.000	0.050	0.100
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.889	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.083	0.083	0.000	0.083	0.083	0.417	0.000	0.083	0.000	0.000	0.167	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.188	0.375	0.000	0.063	0.000	0.125	0.125	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.125	0.250	0.063	0.188	0.000	0.063	0.000	0.125	0.000	0.000	0.188	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.050	0.050	0.250	0.000	0.050	0.250	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.050	0.250	0.150	0.000	0.100	0.100	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.056	0.500	0.056	0.278	0.000	0.056	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000	0.000	0.000	0.050	0.150	0.000	0.000	0.050	0.200	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.250	0.600	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.150	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.222	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000
Z-Anc-09	0.050	0.000	0.050	0.500	0.000	0.150	0.000	0.050	0.000	0.050	0.000	0.050	0.100	0.000
Z-Anc-10	0.167	0.000	0.056	0.389	0.000	0.056	0.056	0.111	0.000	0.056	0.000	0.000	0.111	0.000
Z-Mul-01	0.056	0.000	0.167	0.222	0.000	0.000	0.111	0.278	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.350	0.000	0.200	0.050	0.200	0.000	0.000	0.000	0.050	0.100	0.050
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.438	0.000	0.313	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.550	0.000	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000

Cuadro 22A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-214</i>													
	A-81	B-84	C-87	D-88	E-90	F-91	G-93	H-94	I-97	J-98	K-99	L-100	M-101	N-107
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.200	0.100	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.056	0.667	0.000	0.056	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.438	0.000	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.313	0.063
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.071	0.143	0.714	0.000	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.188	0.063	0.375	0.000	0.313	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.625	0.000	0.250	0.000	0.063	0.000	0.063	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.313	0.000	0.250	0.063	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.071	0.071	0.286	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.357	0.000
S-Anc-06	0.063	0.000	0.000	0.688	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000
S-Mul-02	0.000	0.083	0.000	0.333	0.000	0.333	0.000	0.167	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.222	0.000	0.556	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.188	0.000	0.313	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.222	0.056	0.500	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.500	0.111	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.278	0.000	0.000	0.111	0.000	0.611	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.556	0.000	0.111	0.056	0.000	0.111	0.167	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.286	0.071	0.214	0.357	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.250	0.188	0.000	0.125	0.000	0.000	0.375	0.000	0.000

Cuadro 22A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-214</i>													
	A-81	B-84	C-87	D-88	E-90	F-91	G-93	H-94	I-97	J-98	K-99	L-100	M-101	N-107
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.056	0.667	0.000	0.056	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.438	0.000	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.313	0.063
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.071	0.143	0.714	0.000	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.188	0.063	0.375	0.000	0.313	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.625	0.000	0.250	0.000	0.063	0.000	0.063	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.313	0.000	0.250	0.063	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.071	0.071	0.286	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000	0.000	0.357	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 23A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-6* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-6</i>									
	A-180 [†]	B-183	C-184	D-185	E-186	F-190	G-194	H-196	I-198	J-200
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.944	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.917	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.875	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.750	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.833	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.313	0.688	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.900	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.375	0.625	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.188	0.813	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.900	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.875	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.875	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.357	0.643	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.833	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.938	0.000	0.000

Cuadro 23A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-6</i>									
	A-180	B-183	C-184	D-185	E-186	F-190	G-194	H-196	I-198	J-200
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.833	0.000	0.083
P-Mul-08	0.063	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.938	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.917	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.900	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.800	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.050	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.700	0.200	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.875	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.833	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.950	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.050	0.050	0.000	0.000	0.000	0.900	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 24A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-173* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-173</i>							
	A-157 [†]	B-159	C-161	D-163	E-165	F-167	G-168	H-169
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.100	0.200	0.150	0.550	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.143	0.000	0.143	0.714	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063	0.938	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.350	0.000	0.650	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.900	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.050	0.000	0.150	0.750	0.000	0.050
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0.722	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.700	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.056	0.000	0.389	0.556	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.125	0.000	0.188	0.688	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.944	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0.722	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.929	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.222	0.056	0.722	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.000	0.278	0.722	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.100	0.000	0.150	0.750	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.357	0.643	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.450	0.550	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.778	0.222	0.000

Cuadro 24A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-173</i>							
	A-157	B-159	C-161	D-163	E-165	F-167	G-168	H-169
S-Mul-02	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.900	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.000	0.688	0.313	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.100	0.000	0.400	0.500	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.250	0.000	0.333	0.417	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.050	0.050	0.000	0.700	0.200	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.417	0.000	0.250	0.333	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.143	0.000	0.000	0.857	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.143	0.000	0.857	0.000	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.200	0.800	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 25A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-143* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-143</i>											
	A-216 [†]	B-218	C-219	D-221	E-223	F-225	G-227	H-229	I-230	J-233	K-234	L-239
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.850	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.167	0.722	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.688	0.000	0.313	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.813	0.000	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.950	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.850	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.556	0.000	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.625	0.000	0.375	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.800	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.111	0.722	0.111	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.875	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.000	0.850	0.000	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.000	0.750	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.150	0.850	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.950	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.786	0.143	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.450	0.000	0.550	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 25A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-143</i>											
	A-216	B-218	C-219	D-221	E-223	F-225	G-227	H-229	I-230	J-233	K-234	L-239
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.200	0.200	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.350	0.100	0.000	0.000	0.350	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.313	0.375	0.063	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.063	0.000	0.125	0.250	0.125	0.250	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.250	0.625	0.125	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.050	0.300	0.250	0.300	0.000	0.000	0.050	0.050	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.900	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.571	0.429	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.857	0.000	0.000	0.000	0.000	0.143
Y-Dul-02	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.056	0.833	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.063	0.938	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.611	0.167	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mor-01	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.650	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.429	0.000	0.571	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 26A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms1-111* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms1-111</i>								
	A-145 [†]	B-147	C-150	D-151	E-155	F-157	G-160	H-164	I-166
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.000	0.350	0.000	0.550	0.100	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.450	0.000	0.550	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.600	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.063	0.750	0.000	0.188	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.083	0.000	0.917	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.375	0.625	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.550	0.250	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.438	0.000	0.563	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.667	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.563	0.000	0.438	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.143	0.643	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.250	0.333	0.000	0.417	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.000	0.563	0.000	0.438	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.214	0.000	0.643	0.000	0.143	0.000	0.000	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.150	0.000	0.500	0.000	0.300	0.050	0.000	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.125	0.500	0.000	0.375	0.000	0.000	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.278	0.000	0.722	0.000	0.000	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000	0.450	0.000	0.000	0.000
D-Anc-07	0.000	0.056	0.000	0.722	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
D-Cri-04	0.000	0.222	0.000	0.556	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.938	0.000	0.063	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.200	0.000	0.600	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.900	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000

Cuadro 26A. Continuación.

Población	<i>Hpms1-111</i>								
	A-145	B-147	C-150	D-151	E-155	F-157	G-160	H-164	I-166
S-Mul-02	0.000	0.150	0.000	0.750	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.200	0.000	0.150	0.000	0.650	0.000	0.000	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.143	0.000	0.857	0.000	0.000	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.375	0.000	0.625	0.000	0.000	0.000
P-Mul-01	0.000	0.056	0.000	0.333	0.000	0.611	0.000	0.000	0.000
P-Mia-01	0.000	0.200	0.000	0.400	0.000	0.400	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.071	0.000	0.643	0.000	0.143	0.143
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.800	0.200	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.400	0.000	0.600	0.000	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.556	0.000	0.444	0.000	0.000	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.722	0.000	0.278	0.000	0.000	0.000
H-Mor-01	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.900	0.100	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 27A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms2-24* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms2-24</i>											
	A-183 [†]	B-184	C-185	D-186	E-187	F-195	G-199	H-200	I-201	J-202	K-203	L-204
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.200	0.050	0.650	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.389	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.111
G-Anc-01	0.056	0.000	0.000	0.444	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
G-Anc-04	0.000	0.000	0.125	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.625	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.050	0.950	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.050	0.950	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.889	0.000
Z-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.600	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.100	0.000	0.100	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.700	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.167	0.389	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.444	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.050	0.050	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.000	0.850	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.050	0.000	0.150	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.800	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.650	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.400	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.000	0.833	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100	0.300	0.000	0.600	0.000
D-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.278	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.667	0.000
D-Anc-08	0.000	0.056	0.000	0.278	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
D-Cri-03	0.000	0.000	0.100	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000
D-Cri-04	0.000	0.000	0.050	0.350	0.000	0.000	0.000	0.100	0.000	0.000	0.500	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.050	0.400	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.063	0.375	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.563	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.800	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000
S-Anc-06	0.000	0.000	0.000	0.450	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000

Cuadro 27A. Continuación.

Población	<i>Hpms2-24</i>											
	A-183	B-184	C-185	D-186	E-187	F-195	G-199	H-200	I-201	J-202	K-203	L-204
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.450	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.550	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000
P-Mul-09	0.000	0.000	0.063	0.438	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.700	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.056	0.778	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.056	0.111	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.200	0.800	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	0.000	0.063	0.813	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000
O-Hua-01	0.400	0.600	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.700	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.800	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
V-Piq-01	0.778	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.550	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000	0.150	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.250	0.100	0.450	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.100	0.050	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.889	0.000	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.111	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.222	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.778	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 28A. Frecuencias alélicas para el locus *Hpms2-21* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>Hpms2-21</i>															
	A-264 [†]	B-266	C-283	D-284	E-285	F-286	G-287	H-288	I-290	J-291	K-292	L-293	M-294	N-295	O-303	P-305
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.167	0.000	0.167	0.167	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-05	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000	0.056	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Mul-10	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Anc-04	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250
Z-Anc-03	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.100	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.357	0.000	0.071	0.000	0.000	0.000	0.000	0.071	0.500
Z-Anc-05	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.500
Z-Anc-10	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.100	0.000	0.000	0.200	0.100	0.000	0.000	0.000	0.200
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.100	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.100
Z-Mul-02	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.200	0.050	0.150	0.000	0.100	0.150	0.100	0.000	0.100	0.000	0.100
D-Anc-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.875	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.833	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000

Cuadro 28A. Continuación.

Población	<i>Hpms2-21</i>															
	A-264	B-266	C-283	D-284	E-285	F-286	G-287	H-288	I-290	J-291	K-292	L-293	M-294	N-295	O-303	P-305
D-Anc-06	0.000	0.188	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.313	0.000	0.063	0.125	0.188	0.000	0.000	0.000	0.125
D-Anc-07	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.071	0.214	0.000	0.143	0.000	0.071
D-Anc-08	0.000	0.000	0.000	0.050	0.000	0.200	0.000	0.200	0.100	0.100	0.000	0.100	0.200	0.000	0.000	0.050
D-Cri-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.643	0.000	0.071	0.000	0.214	0.000	0.000	0.000	0.071
D-Cri-04	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.688	0.000	0.000	0.000	0.313	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.300	0.200	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-03	0.000	0.583	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000
S-Anc-04	0.000	0.750	0.000	0.050	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.200	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Anc-06	0.000	0.056	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.278	0.000	0.556	0.000	0.000	0.000	0.000
S-Mul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.150	0.000	0.200	0.000	0.300	0.000	0.350	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mul-08	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.111	0.000	0.389	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.222
P-Mul-09	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.083	0.167	0.000	0.083	0.000	0.000	0.000	0.333
P-Mul-13	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.667	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333
P-Mul-18	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000
P-Mul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.125	0.000	0.250	0.000	0.125	0.000	0.000	0.375	0.000
P-Mia-01	0.000	0.750	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.250	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
P-Mia-03	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.000	0.167	0.000	0.000	0.000	0.000	0.083	0.000	0.000	0.167	0.083	0.000	0.083	0.417

Cuadro 28A. Continuación.

Población	<i>Hpms2-21</i>															
	A-264	B-266	C-283	D-284	E-285	F-286	G-287	H-288	I-290	J-291	K-292	L-293	M-294	N-295	O-303	P-305
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.500	0.000	0.500
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.438	0.000	0.563
Y-Dul-03	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.850	0.000	0.150
V-Piq-01	0.000	0.000	0.000	0.000	1.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
O-Chi-01	0.000	0.000	0.000	0.125	0.000	0.375	0.000	0.000	0.125	0.000	0.313	0.000	0.000	0.000	0.000	0.063
Z-Gua-01	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300	0.000	0.000	0.000	0.000	0.400	0.000	0.000	0.000	0.000	0.300
H-Mor-01	0.000	0.000	0.056	0.000	0.278	0.000	0.000	0.000	0.278	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.389	0.000
H-Mul-01	0.667	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.333	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000
H-Anc-01	0.000	0.889	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.000	0.111	0.000	0.000	0.000	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 29A. Frecuencias alélicas para el locus *CAN130829* del análisis genético de poblaciones de chiles anchos de México y sus testigos.

Población	<i>CAN130829</i>				
	A-182 [†]	B-183	C-184	D-185	E-186
G ^{††} -Mul [‡] -02	0.000	0.000	0.357	0.643	0.000
G-Mul-05	0.000	0.000	0.389	0.611	0.000
G-Mul-10	0.000	0.200	0.500	0.300	0.000
G-Anc-01	0.000	0.200	0.500	0.300	0.000
G-Anc-04	0.000	0.167	0.500	0.333	0.000
G-Cri-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
G-Cri-02	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
Z-Anc-02	0.000	0.000	0.400	0.500	0.100
Z-Anc-03	0.000	0.071	0.500	0.429	0.000
Z-Anc-04	0.000	0.063	0.500	0.438	0.000
Z-Anc-05	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
Z-Anc-09	0.000	0.167	0.500	0.333	0.000
Z-Anc-10	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
Z-Mul-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
Z-Mul-02	0.000	0.167	0.500	0.333	0.000
D-Anc-03	0.250	0.125	0.375	0.250	0.000
D-Anc-04	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500
D-Anc-06	0.056	0.056	0.500	0.333	0.056
D-Anc-07	0.167	0.250	0.417	0.167	0.000
D-Anc-08	0.000	0.063	0.500	0.438	0.000
D-Cri-03	0.000	0.063	0.500	0.438	0.000
D-Cri-04	0.000	0.111	0.167	0.333	0.389
S-Anc-01	0.000	0.143	0.357	0.500	0.000
S-Anc-03	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
S-Anc-04	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
S-Anc-06	0.000	0.150	0.450	0.350	0.050

Cuadro 29A. Continuación.

Población	CAN130829				
	A-182	B-183	C-184	D-185	E-186
S-Mul-02	0.000	0.050	0.450	0.450	0.050
P-Mul-08	0.000	0.111	0.500	0.389	0.000
P-Mul-09	0.071	0.143	0.429	0.357	0.000
P-Mul-13	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
P-Mul-18	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
P-Mul-01	0.111	0.167	0.389	0.333	0.000
P-Mia-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
P-Mia-03	0.000	0.200	0.500	0.300	0.000
O-Hua-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
Y-Dul-01	0.000	0.000	0.278	0.500	0.222
Y-Dul-02	0.000	0.000	0.000	0.500	0.500
Y-Dul-03	0.000	0.050	0.300	0.450	0.200
V-Piq-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
O-Chi-01	0.000	0.050	0.500	0.450	0.000
Z-Gua-01	0.000	0.250	0.500	0.250	0.000
H-Mor-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
H-Mul-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000
H-Anc-01	0.000	0.000	0.500	0.500	0.000

†Alelo-Tamaño (pb); ††Estado de colecta (G: Guanajuato, Z: Zacatecas, D: Durango, S: San Luis Potosí, P: Puebla, O: Oaxaca, Y: Yucatán, V: Veracruz), H: híbrido; ‡Tipos de chiles (Anc: ancho, Mul: mulato, Cri: cristalino, Mia: miahuateco, Hua: huacle, Dul: dulce, Mor: morrón, Piq: piquín, Chi: chilaca, Gua: guajillo).

Cuadro 30A. Matriz de distancias modificada de Rogers generada con las frecuencias de 220 alelos de microsatélites del análisis de poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Población	G-M -02	G-M -05	G-M -10	G-A -01	G-A -04	G-C -01	G-C -02	Z-A -02	Z-A -03	Z-A -04	Z-A -05	Z-A -09	Z-A -10	Z-M -01	Z-M -02	D-A -03	D-A -04	D-A -06	D-A -07
G [†] -M ^{††} -02	0.00																		
G-M-05	0.44	0.00																	
G-M-10	0.31	0.38	0.00																
G-A-01	0.30	0.46	0.26	0.00															
G-A-04	0.36	0.37	0.25	0.25	0.00														
G-C-01	0.33	0.55	0.36	0.29	0.39	0.00													
G-C-02	0.34	0.54	0.39	0.32	0.39	0.19	0.00												
Z-A-02	0.30	0.43	0.28	0.25	0.29	0.34	0.34	0.00											
Z-A-03	0.32	0.45	0.33	0.27	0.31	0.35	0.34	0.22	0.00										
Z-A-04	0.32	0.43	0.30	0.25	0.28	0.37	0.36	0.20	0.23	0.00									
Z-A-05	0.33	0.31	0.31	0.35	0.29	0.42	0.42	0.35	0.37	0.34	0.00								
Z-A-09	0.32	0.36	0.31	0.29	0.29	0.38	0.36	0.27	0.29	0.25	0.31	0.00							
Z-A-10	0.24	0.41	0.28	0.25	0.29	0.36	0.36	0.18	0.26	0.21	0.30	0.25	0.00						
Z-M-01	0.32	0.40	0.27	0.25	0.26	0.40	0.38	0.29	0.34	0.26	0.32	0.27	0.26	0.00					
Z-M-02	0.27	0.40	0.26	0.21	0.26	0.31	0.31	0.21	0.23	0.21	0.31	0.24	0.22	0.26	0.00				
D-A-03	0.32	0.44	0.30	0.24	0.32	0.34	0.37	0.25	0.32	0.26	0.35	0.26	0.23	0.28	0.24	0.00			
D-A-04	0.34	0.48	0.39	0.33	0.37	0.38	0.35	0.30	0.32	0.33	0.41	0.33	0.32	0.34	0.29	0.31	0.00		
D-A-06	0.26	0.41	0.31	0.26	0.29	0.32	0.30	0.24	0.27	0.24	0.32	0.25	0.23	0.27	0.21	0.24	0.30	0.00	
D-A-07	0.33	0.45	0.35	0.28	0.32	0.37	0.35	0.26	0.30	0.26	0.38	0.27	0.27	0.29	0.24	0.25	0.33	0.20	0.00

Cuadro 30A. Continuación.

Población	G-M	G-M	G-M	G-A	G-A	G-C	G-C	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-A	Z-M	Z-M	D-A	D-A	D-A	D-A
	-02	-05	-10	-01	-04	-01	-02	-02	-03	-04	-05	-09	-10	-01	-02	-03	-04	-06	-07
D-A-08	0.26	0.41	0.32	0.27	0.31	0.32	0.31	0.24	0.27	0.25	0.31	0.23	0.21	0.28	0.21	0.23	0.27	0.18	0.27
D-C-03	0.32	0.48	0.37	0.28	0.32	0.33	0.32	0.28	0.32	0.32	0.39	0.31	0.30	0.31	0.25	0.32	0.27	0.26	0.25
D-C-04	0.32	0.49	0.38	0.27	0.33	0.36	0.33	0.29	0.28	0.32	0.41	0.32	0.32	0.33	0.27	0.31	0.23	0.24	0.28
S-A-01	0.33	0.46	0.32	0.24	0.30	0.37	0.39	0.25	0.32	0.27	0.36	0.33	0.25	0.29	0.26	0.29	0.36	0.29	0.30
S-A-03	0.30	0.41	0.35	0.31	0.33	0.38	0.40	0.32	0.32	0.32	0.32	0.31	0.29	0.33	0.28	0.32	0.34	0.27	0.33
S-A-04	0.37	0.42	0.41	0.39	0.40	0.44	0.45	0.42	0.41	0.41	0.35	0.36	0.38	0.37	0.35	0.40	0.44	0.33	0.38
S-A-06	0.34	0.50	0.41	0.34	0.40	0.42	0.42	0.34	0.34	0.36	0.45	0.33	0.32	0.37	0.34	0.35	0.37	0.27	0.31
S-M-02	0.35	0.43	0.36	0.33	0.37	0.41	0.42	0.36	0.38	0.36	0.40	0.31	0.34	0.31	0.32	0.35	0.40	0.33	0.35
P-M-08	0.36	0.49	0.41	0.42	0.48	0.45	0.44	0.42	0.43	0.42	0.44	0.40	0.40	0.40	0.37	0.44	0.45	0.39	0.44
P-M-09	0.37	0.46	0.40	0.43	0.48	0.49	0.48	0.41	0.43	0.43	0.44	0.37	0.39	0.39	0.38	0.43	0.45	0.40	0.43
P-M-13	0.41	0.48	0.42	0.44	0.49	0.47	0.46	0.43	0.42	0.43	0.47	0.40	0.44	0.41	0.38	0.47	0.46	0.41	0.45
P-M-18	0.45	0.57	0.48	0.49	0.53	0.51	0.53	0.49	0.48	0.49	0.51	0.48	0.48	0.48	0.45	0.49	0.50	0.45	0.53
P-M-01	0.40	0.51	0.43	0.45	0.46	0.49	0.49	0.47	0.45	0.45	0.44	0.42	0.45	0.42	0.41	0.47	0.46	0.42	0.48
P-Mi-01	0.35	0.52	0.43	0.44	0.44	0.43	0.44	0.41	0.41	0.44	0.40	0.45	0.40	0.45	0.39	0.46	0.45	0.41	0.45
P-Mi-03	0.36	0.45	0.40	0.40	0.40	0.44	0.43	0.42	0.42	0.41	0.36	0.39	0.38	0.39	0.36	0.43	0.45	0.36	0.43
Z-G-01	0.34	0.45	0.36	0.35	0.37	0.41	0.42	0.36	0.39	0.36	0.39	0.35	0.33	0.36	0.32	0.37	0.42	0.34	0.39
O-Hu-01	0.42	0.52	0.44	0.44	0.48	0.50	0.49	0.44	0.44	0.43	0.47	0.41	0.42	0.43	0.39	0.46	0.45	0.43	0.47

Cuadro 30A. Continuación.

Población	G-M -02	G-M -05	G-M -10	G-A -01	G-A -04	G-C -01	G-C -02	Z-A -02	Z-A -03	Z-A -04	Z-A -05	Z-A -09	Z-A -10	Z-M -01	Z-M -02	D-A -03	D-A -04	D-A -06	D-A -07
V-Pi-01	0.50	0.62	0.55	0.54	0.55	0.55	0.54	0.52	0.52	0.52	0.55	0.52	0.50	0.54	0.50	0.54	0.53	0.49	0.53
H-M-01	0.51	0.46	0.51	0.53	0.52	0.58	0.57	0.54	0.55	0.53	0.51	0.46	0.53	0.48	0.49	0.52	0.56	0.48	0.51
H-A-01	0.48	0.40	0.41	0.41	0.37	0.35	0.39	0.39	0.38	0.39	0.44	0.34	0.40	0.48	0.40	0.41	0.41	0.37	0.35
O-Ch-01	0.51	0.45	0.46	0.46	0.49	0.46	0.41	0.46	0.43	0.45	0.46	0.43	0.48	0.51	0.45	0.46	0.46	0.49	0.46
Y-D-01	0.66	0.63	0.64	0.63	0.63	0.59	0.62	0.62	0.61	0.64	0.64	0.58	0.62	0.66	0.63	0.64	0.63	0.63	0.59
Y-D-02	0.69	0.65	0.66	0.64	0.65	0.63	0.64	0.64	0.62	0.66	0.66	0.62	0.66	0.69	0.65	0.66	0.64	0.65	0.63
Y-D-03	0.68	0.65	0.66	0.64	0.62	0.60	0.63	0.61	0.61	0.66	0.67	0.61	0.63	0.68	0.65	0.66	0.64	0.62	0.60
H-Mo-01	0.64	0.62	0.64	0.61	0.58	0.55	0.60	0.55	0.59	0.62	0.62	0.58	0.59	0.64	0.62	0.64	0.61	0.58	0.55

Cuadro 30A. Continuación.

Población	D-A	D-C	D-C	S-A	S-A	S-A	S-A	S-M	P-M	P-M	P-M	P-M	P-M	P-Mi	P-Mi	Z-G	O-Hu	V-Pi	H-M
	-08	-03	-04	-01	-03	-04	-06	-02	-08	-09	-13	-18	-01	-01	-03	-01	-01	-01	-01
D-A-08	0.00																		
D-C-03	0.26	0.00																	
D-C-04	0.26	0.25	0.00																
S-A-01	0.28	0.29	0.33	0.00															
S-A-03	0.26	0.30	0.30	0.28	0.00														
S-A-04	0.33	0.37	0.37	0.40	0.29	0.00													
S-A-06	0.27	0.33	0.29	0.35	0.31	0.33	0.00												
S-M-02	0.31	0.33	0.35	0.29	0.28	0.30	0.28	0.00											
P-M-08	0.37	0.43	0.44	0.44	0.36	0.36	0.38	0.31	0.00										
P-M-09	0.38	0.43	0.43	0.43	0.38	0.34	0.36	0.30	0.24	0.00									
P-M-13	0.41	0.43	0.44	0.47	0.41	0.35	0.40	0.34	0.27	0.25	0.00								
P-M-18	0.42	0.49	0.48	0.50	0.42	0.41	0.42	0.41	0.35	0.40	0.41	0.00							
P-M-01	0.41	0.47	0.46	0.45	0.35	0.40	0.44	0.37	0.28	0.37	0.39	0.34	0.00						
P-Mi-01	0.40	0.41	0.44	0.41	0.33	0.41	0.44	0.41	0.39	0.42	0.46	0.46	0.40	0.00					
P-Mi-03	0.36	0.41	0.43	0.39	0.28	0.34	0.41	0.34	0.37	0.40	0.43	0.46	0.37	0.29	0.00				
Z-G-01	0.33	0.37	0.39	0.31	0.29	0.38	0.39	0.32	0.38	0.40	0.43	0.48	0.36	0.38	0.30	0.00			
O-Hu-01	0.39	0.44	0.45	0.45	0.41	0.42	0.43	0.40	0.42	0.42	0.41	0.46	0.46	0.48	0.44	0.41	0.00		
V-Pi-01	0.49	0.50	0.53	0.54	0.50	0.56	0.52	0.55	0.55	0.57	0.57	0.58	0.55	0.52	0.53	0.50	0.49	0.00	
H-M-01	0.50	0.54	0.51	0.55	0.47	0.44	0.51	0.45	0.50	0.47	0.48	0.57	0.52	0.55	0.46	0.46	0.52	0.60	0.00

Cuadro 30A. Continuación.

Población	D-A	D-C	D-C	S-A	S-A	S-A	S-A	S-M	P-M	P-M	P-M	P-M	P-M	P-Mi	P-Mi	Z-G	O-Hu	V-Pi	H-M
	-08	-03	-04	-01	-03	-04	-06	-02	-08	-09	-13	-18	-01	-01	-03	-01	-01	-01	-01
H-A-01	0.39	0.36	0.46	0.42	0.45	0.51	0.45	0.44	0.33	0.38	0.47	0.56	0.36	0.39	0.36	0.46	0.42	0.45	0.51
O-Ch-01	0.40	0.43	0.45	0.44	0.47	0.46	0.48	0.45	0.48	0.44	0.41	0.46	0.58	0.40	0.43	0.45	0.44	0.47	0.46
Y-D-01	0.62	0.62	0.57	0.58	0.57	0.63	0.57	0.63	0.61	0.59	0.61	0.63	0.65	0.62	0.62	0.57	0.58	0.57	0.63
Y-D-02	0.63	0.64	0.59	0.61	0.61	0.63	0.60	0.63	0.64	0.62	0.62	0.63	0.67	0.63	0.64	0.59	0.61	0.61	0.63
Y-D-03	0.62	0.62	0.58	0.58	0.59	0.62	0.58	0.62	0.61	0.60	0.60	0.59	0.60	0.62	0.62	0.58	0.58	0.59	0.62
H-Mo-01	0.58	0.51	0.50	0.49	0.54	0.59	0.51	0.57	0.53	0.53	0.56	0.62	0.53	0.58	0.51	0.50	0.49	0.54	0.59

Cuadro 30A. Continuación.

Población	H-A	O-Ch	Y-D	Y-D	Y-D	H-Mo
	-01	-01	-01	-02	-03	-01
H-A-01	0.00					
O-Ch-01	0.50	0.00				
Y-D-01	0.64	0.59	0.00			
Y-D-02	0.68	0.58	0.39	0.00		
Y-D-03	0.64	0.56	0.43	0.39	0.00	
H-Mo-01	0.59	0.58	0.63	0.66	0.60	0.00

†Estados de colecta (G: Guanajuato; Z: Zacatecas; S: San Luis Potosí; D: Durango; P: Puebla; O: Oaxaca; Y: Yucatán; V: Veracruz), H: híbrido. ††Tipos de chiles (A: ancho; M: mulato; C: cristalino; Mi: miahuateco; Hu: huacle; D: dulce; G: guajillo; Ch: chilaca; Mo: morrón; Pi: piquín).

Cuadro 31A. Vectores propios de los primeros ocho componentes principales generados con frecuencias alélicas de microsátelites para poblaciones nativas de chiles anchos de México.

Alelo	Componente principal							
	1	2	3	4	5	6	7	8
<i>Hpms1-62 B</i>	-0.05	-0.07	0.05	-0.03	0.01	0.01	0.08	0.19
<i>Hpms1-62 F</i>	0.16	0.02	0.05	0.00	0.07	-0.01	-0.04	-0.05
<i>Hpms1-62 G</i>	0.01	0.07	0.04	-0.09	-0.16	-0.04	-0.04	0.03
<i>AF244121 C</i>	-0.01	0.06	-0.15	0.16	0.01	-0.08	-0.01	0.04
<i>AF244121 J</i>	0.01	0.10	0.05	-0.10	-0.17	-0.07	-0.06	0.00
<i>Hpms1-148 C</i>	0.03	0.10	0.14	-0.01	0.04	-0.19	-0.03	-0.01
<i>HpmsCASIG 19 C</i>	0.00	0.07	0.00	-0.05	-0.16	0.02	0.10	0.04
<i>HpmsCASIG 19 H</i>	0.17	0.00	0.03	0.03	0.01	0.05	0.08	0.01
<i>HpmsCASIG 19 I</i>	0.03	0.10	0.14	-0.01	0.04	-0.19	-0.03	-0.01
<i>HpmsCASIG 19 J</i>	0.04	0.15	0.16	0.04	0.06	-0.01	-0.07	0.03
<i>Hpms1-5 I</i>	0.17	-0.04	0.03	0.03	0.01	0.07	-0.01	0.05
<i>Hpms1-5 K</i>	0.01	0.10	-0.05	-0.03	0.05	0.02	0.27	-0.07
<i>Hpms1-5 L</i>	0.02	0.08	-0.10	-0.20	0.14	0.03	0.03	-0.01
<i>Hpms1-168 A</i>	0.02	0.12	0.07	0.08	0.04	0.22	-0.08	0.06
<i>Hpms1-168 B</i>	0.02	0.12	0.07	0.08	0.04	0.22	-0.08	0.06
<i>Hpms1-168 C</i>	-0.02	-0.04	0.02	0.01	0.05	0.02	0.00	-0.17
<i>Hpms1-168 D</i>	0.07	0.03	-0.03	-0.03	-0.04	-0.04	0.01	-0.19
<i>Hpms1-172 A</i>	0.03	0.17	0.14	0.08	0.05	0.02	0.05	0.00
<i>Hpms1-172 F</i>	0.17	-0.08	0.00	0.01	0.00	0.01	0.01	0.01
<i>Hpms1-172 G</i>	-0.06	-0.09	0.05	0.00	0.05	0.03	-0.04	-0.18
<i>Hpms1-172 J</i>	0.02	0.13	0.04	0.10	0.01	0.14	0.18	-0.02
<i>AF039662 B</i>	-0.03	-0.04	0.03	-0.03	-0.01	0.02	0.05	0.17
<i>AF039662 C</i>	-0.03	-0.05	0.03	0.00	0.06	0.03	0.01	-0.18
<i>CM005 C</i>	0.17	-0.08	0.01	0.00	-0.01	0.01	0.01	0.01
<i>CM005 E</i>	0.02	0.08	-0.10	-0.20	0.14	0.03	0.03	-0.01
<i>Hpms1-1 A</i>	-0.04	-0.03	0.11	-0.04	0.05	-0.07	0.04	0.18

Cuadro 31A. Continuación.

Alelo	Componente principal							
	1	2	3	4	5	6	7	8
<i>Hpms1-1 D</i>	0.03	0.10	0.14	-0.01	0.04	-0.19	-0.03	-0.01
<i>Hpms1-1 G</i>	0.16	-0.08	-0.01	0.01	0.00	0.02	0.01	0.01
<i>Hpms1-1 H</i>	0.17	-0.03	0.03	0.04	0.01	0.10	-0.03	0.04
<i>Hpms1-1 I</i>	0.17	-0.08	0.01	0.00	-0.01	0.01	0.01	0.02
<i>Hpms1-1 J</i>	-0.05	-0.02	0.00	-0.06	-0.18	0.02	-0.02	0.00
<i>Hpms1-1 L</i>	0.03	0.10	0.14	-0.01	0.04	-0.19	-0.03	-0.01
<i>Hpms1-274 A</i>	0.00	0.05	-0.02	-0.06	-0.18	0.00	-0.06	0.00
<i>Hpms1-274 B</i>	0.02	0.12	0.07	0.08	0.04	0.22	-0.08	0.06
<i>Hpms1-274 C</i>	0.00	0.05	-0.02	-0.06	-0.19	0.01	-0.06	-0.01
<i>Hpms1-274 G</i>	0.05	0.08	0.16	0.01	0.04	-0.02	-0.08	0.04
<i>Hpms2-2 A</i>	-0.01	0.04	0.02	-0.09	-0.17	0.08	-0.02	0.01
<i>Hpms2-2 B</i>	0.02	0.12	0.07	0.08	0.04	0.22	-0.08	0.06
<i>Hpms2-2 F</i>	0.16	-0.08	0.01	0.02	0.01	0.02	0.01	0.01
<i>Hpms1-106 E</i>	0.17	-0.09	-0.01	0.01	0.00	0.02	0.01	0.01
<i>Hpms1-214 J</i>	-0.04	-0.04	0.03	-0.07	0.10	0.00	0.03	0.17
<i>Hpms1-214 K</i>	0.03	0.10	0.13	-0.01	0.04	-0.19	-0.04	-0.01
<i>Hpms1-214 L</i>	0.04	0.09	0.03	-0.05	-0.19	-0.03	0.09	-0.03
<i>Hpms1-6 C</i>	0.02	0.13	0.06	0.03	-0.07	0.20	-0.09	0.05
<i>Hpms1-6 I</i>	0.16	-0.09	-0.01	0.02	0.01	0.02	0.02	0.01
<i>Hpms2-24 A</i>	0.03	0.12	0.13	0.02	0.03	-0.16	0.11	-0.04
<i>Hpms2-24 G</i>	0.02	0.12	0.07	0.08	0.04	0.22	-0.08	0.06
<i>Hpms2-24 J</i>	0.02	0.09	-0.09	-0.21	0.01	0.03	0.00	-0.01
<i>Hpms1-111 A</i>	0.02	0.08	-0.10	-0.20	0.14	0.03	0.03	-0.01
<i>Hpms1-111 H</i>	0.01	0.08	-0.01	0.07	-0.02	0.01	0.28	-0.07
<i>Hpms1-111 I</i>	0.01	0.08	-0.01	0.07	-0.02	0.01	0.28	-0.07
<i>Hpms2-21 A</i>	0.01	0.05	-0.01	-0.08	-0.17	0.01	-0.01	0.01

Cuadro 31A. Continuación.

Alelo	Componente principal							
	1	2	3	4	5	6	7	8
<i>Hpms2-21 C</i>	0.02	0.08	-0.10	-0.20	0.14	0.03	0.03	-0.01
<i>Hpms2-21 E</i>	0.03	0.12	0.11	-0.06	0.08	-0.18	-0.02	-0.02
<i>Hpms1-143 A</i>	0.02	0.08	-0.10	-0.20	0.14	0.03	0.03	-0.01
<i>Hpms1-143 D</i>	0.01	0.09	-0.02	0.11	0.00	-0.01	0.25	-0.06
<i>Hpms1-143 I</i>	0.02	0.08	-0.10	-0.20	0.14	0.03	0.03	-0.01
<i>HpmsA1-173 A</i>	0.03	0.10	0.14	-0.01	0.04	-0.19	-0.03	-0.01
<i>HpmsA1-173 C</i>	-0.01	0.08	-0.08	0.03	0.04	-0.01	0.24	0.02
<i>HpmsA1-173 D</i>	0.01	0.10	-0.03	-0.12	0.16	0.13	-0.01	0.06
<i>CAN010950 D</i>	0.02	0.12	0.07	0.08	0.04	0.22	-0.08	0.06
<i>Hpms2-13 B</i>	0.01	0.10	-0.01	0.10	0.00	-0.06	0.25	-0.04
<i>Hpms2-13 E</i>	0.01	0.05	-0.09	-0.17	-0.06	0.03	0.01	0.02
<i>Hpms2-13 K</i>	0.17	-0.08	0.00	0.01	0.00	0.01	0.01	0.02

Números en negritas: vectores propios mayores a 0.16, que relacionan a los alelos con mayor aportación a cada Componente Principal.