

DIVERSIDAD GENÉTICA DE CHILE HABANERO (*Capsicum chinense* Jacq.) MEDIANTE ISSRGENETIC DIVERSITY OF HABANERO PEPPER (*Capsicum chinense* Jacq.) USING ISSR

S. Teresa López-Espinosa¹, Luis Latournerie-Moreno^{1*}, Guillermo Castañón-Nájera²,
Esaú Ruiz-Sánchez¹, Juan F. Gómez-Leyva³, Rubén H. Andueza-Noh¹ y Javier O. Mijangos-Cortés⁴

¹Tecnológico Nacional de México / IT Conkal. Av. Tecnológico s/n. 97345, Conkal, Yucatán, México. ²División Académica de Ciencias Biológicas, Universidad Juárez Autónoma de Tabasco. km 0.5 Carr. Villahermosa-Cárdenas entronque Bosques de Saloya. 86139, Villahermosa, Tabasco, México. ³Tecnológico Nacional de México / IT Tlajomulco. km 10 Carretera Tlajomulco-San Miguel de Cuyutlán. 45640, Tlajomulco de Zuñiga, Jalisco. ⁴Centro de Investigación Científica de Yucatán. Calle 43 x 32 y 34, Chuburná de Hidalgo. 97205, Mérida, Yucatán, México.

*Autor para correspondencia (luis.latournerie@itconkal.edu.mx)

RESUMEN

El chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) es distintivo de la Península de Yucatán, México; sin embargo, los estudios de diversidad genética a nivel molecular en este cultivo son escasos. El presente trabajo se planteó con el objetivo de caracterizar la diversidad genética del germoplasma de chile habanero, mediante marcadores ISSR. El material genético consistió en 60 poblaciones criollas de chile habanero recolectadas en los estados de Yucatán, Campeche, Quintana Roo y Tabasco, México, las cuales fueron genéticamente analizadas con tres loci ISSRs. El ADN fue extraído por el método de CTAB y los fragmentos se amplificaron por la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los datos se analizaron con los programas POPGENE V 1.31 y NTSYS V 2.0 mediante un análisis de componentes principales y las relaciones entre las poblaciones se obtuvieron con un análisis jerárquico de conglomerados usando el método UPGMA. Se detectaron un total 32 bandas y 98 % de ellas fueron polimórficas. Los resultados indican que la diversidad genética en poblaciones de chile habanero es alta, en donde el 95.5 % de la variación observada se encuentra dentro de las poblaciones y sólo el 4.5 % entre ellas. Se detectó un alto flujo génico entre las poblaciones. Los resultados de los análisis multivariados sugieren que gran cantidad de germoplasma de chile habanero se ha dispersado del estado de Yucatán a los estados de Campeche, Quintana Roo y Tabasco. El patrón de distribución de la diversidad genética de chile habanero no se asoció con el lugar de origen de las poblaciones analizadas.

Palabras clave: *Capsicum chinense*, diversidad genética, caracterización molecular, marcadores ISSR.

SUMMARY

Habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) is distinctive of the Yucatan Peninsula, Mexico; however, studies of genetic diversity at the molecular level on this crop are scarce. The present study was proposed with the objective of characterizing the genetic diversity of habanero pepper germplasm by using ISSR markers. The genetic material consisted of 60 landrace populations of habanero pepper collected in the states of Yucatan, Campeche, Quintana Roo and Tabasco, Mexico, which were genetically analyzed with three ISSR loci. DNA was extracted by the CTAB method, and the fragments were amplified through the polymerase chain reaction (PCR). Data were analyzed using the POPGENE V 1.31 and NTSYS V 2.0 programs by means of principal component analysis, and the genetic relationships among populations were obtained by hierarchical cluster analysis based on the UPGMA method. A total of 32 bands were detected and 98 % of them were polymorphic. Results indicate that genetic diversity in habanero pepper is large, 95.5 % of the observed variation occurred within the populations and only 4.5 % among them. A high gene flow was detected among populations. Results of multivariate analyses suggest that a large amount habanero pepper germplasm has dispersed from the state of Yucatan to the states of Campeche, Quintana Roo and Tabasco. The distribution pattern of genetic diversity of habanero pepper populations was not associated to the provenance of the analyzed populations.

Index words: *Capsicum chinense*, genetic diversity, molecular characterization, ISSR markers.