



Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C.

Posgrado en Ciencias Biológicas

**OBTENCIÓN DE HÍBRIDOS DE CHILE HABANERO (*Capsicum chinense* Jacq.)
PARA CONSUMO FRESCO E INDUSTRIAL**

Tesis que presenta

YARITZA RODRÍGUEZ LLANES

En opción al título de

DOCTOR EN CIENCIAS

(Ciencias Biológicas: Opción Bioquímica y Biología Molecular)

Mérida, Yucatán, México

Mayo, 2023

CENTRO DE INVESTIGACIÓN CIENTÍFICA DE YUCATÁN, A. C.



RECONOCIMIENTO

Por medio de la presente, hago constar que el trabajo de tesis de **YARITZA RODRÍGUEZ LLANES** titulado **OBTENCIÓN DE HÍBRIDOS DE CHILE HABANERO (*Capsicum Chinense Jacq.*) PARA CONSUMO FRESCO E INDUSTRIAL**, fue realizado en la UNIDAD DE BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR DE PLANTAS, GENÉTICA VEGETAL, LABORATORIO 9 del Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C. bajo la dirección de la Dra. NANCY SANTANA BUZZY y la Dra. DAISY PÉREZ BRITO dentro de la opción de BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR DE PLANTAS, perteneciente al Programa de Posgrado en Ciencias Biológicas de este Centro.

Atentamente

Dra. Cecilia Hernández Zepeda

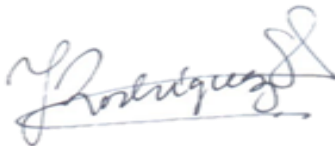
Directora de Docencia

Mérida, Yucatán, México, mayo del 2023

DECLARACIÓN DE PROPIEDAD

Declaro que la información contenida en la sección de Materiales y Métodos, los Resultados y Discusión de este documento proviene de las actividades de investigación realizadas durante el período que se me asignó para desarrollar mi trabajo de tesis, en las Unidades y Laboratorios del Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C., y que a razón de lo anterior y en contraprestación de los servicios educativos o de apoyo que me fueron brindados, dicha información, en términos de la Ley Federal del Derecho de Autor y la Ley de la Propiedad Industrial, le pertenece patrimonialmente a dicho Centro de Investigación. Por otra parte, en virtud de lo ya manifestado, reconozco que de igual manera los productos intelectuales o desarrollos tecnológicos que deriven o pudieran derivar de lo correspondiente a dicha información, le pertenecen patrimonialmente al Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C., y en el mismo tenor, reconozco que si derivaren de este trabajo productos intelectuales o desarrollos tecnológicos, en lo especial, estos se registrarán en todo caso por lo dispuesto por la Ley Federal del Derecho de Autor y la Ley de la Propiedad Industrial, en el tenor de lo expuesto en la presente Declaración.

Firma:



Yaritza Rodríguez Llanes

Este trabajo se llevó a cabo en la Unidad de BIOQUÍMICA Y BIOLOGÍA MOLECULAR DE PLANTAS del Centro de Investigación Científica de Yucatán, y forma parte del proyecto titulado “Mejoramiento genético del chile habanero”, perteneciente al proyecto de Ciencias Básicas de de la convocatoria Problemas Nacionales 2016 con clave 2016/2935, en el que participaste bajo la dirección de la Dra. NANCY SANTANA BUZZY.

AGRADECIMIENTOS

Al Centro de Investigación Científica de Yucatán A. C. por todas las facilidades brindadas para la realización de este trabajo. En especial, a la Unidad de Bioquímica y Biología Molecular por facilitarme material, equipo y laboratorios, así como al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT) por la beca otorgada No.945005 para realizar el doctorado en Ciencias Biológicas.

Al proyecto titulado “Mejoramiento genético del chile habanero”. Ciencia Básica 2016/2935 a cargo de la Dra. Nancy Santana Buzzy.

A la Dra. Nancy Santana Buzzy, por su ayuda en la elaboración de este trabajo de investigación, sus conocimientos aportados y consejos durante todo el doctorado, en general, por ser una guía en lo personal y profesional durante todo este tiempo. A la Dra. Daisy Pérez Brito, por enseñarme todo lo referente al trabajo molecular y por sus consejos y recomendaciones en todo momento. Gracias a ambas por su apoyo incondicional y su gran ayuda en el trabajo del artículo científico.

A mi comité tutorial: Dra. Lourdes Iglesias Andreu, por sus importantes observaciones y sugerencias durante el doctorado, en especial en el área del mejoramiento genético y del diseño utilizado en este trabajo, y Dr. Javier Mijangos por su contribución en la elaboración de esta tesis, sus conocimientos aportados, sus importantes observaciones y sugerencias durante el doctorado, en especial en el área de estadística y cálculos de los parámetros genéticos-estadísticos. Gracias a ambos por su apoyo y su gran ayuda en el trabajo del artículo científico.

Al Dr. Adolfo Guzmán, por su apoyo en todo el trabajo en el invernadero, así como de sus importantes consejos y su apoyo académico. A la Dra. Susana A. Avilés Viñas, por sus valiosos consejos, su manera tan paciente de explicar la ciencia y su apoyo en el laboratorio. A los técnicos M.C. Adriana Canto Flick, por todos los consejos y sugerencias en el área de la extracción de la caspacia y en el manejo del HPLC, así como, a la M.C. Rosita Galaz por todo su apoyo en el trabajo con el HPLC.

A todos los compañeros del laboratorio de GeMBio (Anuar Ahmed Magaña Álvarez, Alberto Cortés Velázquez y Jazmín Abril Sánchez Rodríguez), por su ayuda incondicional, paciencia y apoyo en el aprendizaje del tema de marcadores moleculares y extracción de ADN, así como análisis de los datos.

A mis compañeros y amigos que han formado parte del laboratorio 9 de la Unidad de Bioquímica, por su apoyo moral en todo momento. A Elia KU por su apoyo en todo el tema estadístico de mis experimentos.

A los trabajadores de los invernaderos del CICY por su ayuda en las labores de manejo del cultivo y que de alguna otra forma siempre me apoyaron y me brindaron su amistad.

Por último, pero no menos importante, les agradezco a mis hermanos, a mi familia de Aguascalientes y amigos Wayne Orta, Fara María González Aserradle, Carlos Michel Camejo González y Humberto Izquierdo Oviedo. Gracias por haber insistido y apoyarme en no claudicar en mi camino hacia el doctorado. Mil palabras no bastarían para agradecerles a todos su apoyo y sus consejos en los momentos difíciles.

A todos muchas gracias.

DEDICATORIA

A mi familia, en especial a mis padres:

Sixto Ricardo Rodríguez García y Mirta de la C. Llanes Rodríguez, porque me sacaron adelante, son un ejemplo de superación y entrega, gracias a ellos, hoy puedo ver alcanzada mi última meta profesional, va dedicada a ustedes porque siempre estuvieron impulsándome en los momentos más difíciles. No me alcanzará la vida por agradecerle tanta inspiración y fortaleza, principalmente a mí para querido. A mi esposo Boris Luis Barredo Gil e hija Dana Barredo Rodríguez por el sacrificio de venir a otro país para permanecer juntos como familia y así apoyarme en obtener este ansiado título de Doctor en Ciencias.

A mis suegros Lourdes Patricia Gil Hernández y Santiago Barredo Morales, por el apoyo incondicional durante todos estos años, cuidando y educando a mi hija, en cada salida al extranjero que hacía por mi trabajo para lograr ambos títulos académicos (MC y Dr.).

Gracias infinitamente.

INDICE

INDICE.....	viii
LISTADO DE FIGURAS	x
LISTADO DE TABLAS.....	xii
LISTADO DE ANEXOS	xv
RESUMEN	1
ABSTRACT	1
INTRODUCCIÓN	1
CAPÍTULO I. ANTECEDENTES	1
1.El chile habanero (<i>Capsicum chinense</i> Jacq.) Generalidades.....	1
2. Mejoramiento genético.....	1
3. Marcadores genéticos	1
4.Marcadores SSR e ISSR.....	1
Objetivos	1
Estrategia experimental.....	2
CAPÍTULO II. PROGRAMA DE CRUZAMIENTOS ENTRE GENOTIPOS SELECCIONADOS DE CHILE HABANERO (<i>Capsicum chinense</i> Jacq.) MEDIANTE LOS DISEÑOS DE TOP CROSS Y BIPARENTAL.....	3
Introducción	3
Materiales y Métodos	4
Resultados	8
Discusión.....	16
CAPÍTULO III. ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS ESTADÍSTICOS PARA LA SELECCIÓN DE PROGENITORES DE CHILE HABANERO (<i>Capsicum chinense</i> JACQ.) Y LA OBTENCIÓN DE HÍBRIDOS F₁.....	19
Introducción	19
Materiales y Métodos	20
Resultados	22
Discusión.....	31
CAPÍTULO IV. COMBINING ABILITY, HETEROSIS AND HETEROBELTIOSIS TO SELECT HIGHLY PRODUCTIVE F₁ HYBRIDS OF HABANERO PEPPER (<i>Capsicum chinense</i> Jacq.).	37
Abstract	38

Introduction	39
Materials and methods	41
Results	43
Discussion	50
CAPÍTULO V. CARACTERIZACIÓN MORFOAGRONÓMICA DE HÍBRIDOS F₁ DE CHILE HABANERO DE LOS CARACTERES RELACIONADOS EN LOS DESCRIPTORES PARA <i>CAPSICUM</i> Spp. ESTABLECIDOS POR EL IPGRI y EL SNICS.	57
Introducción	57
Materiales y Métodos	58
Resultados	62
Discusión	84
CAPÍTULO VI. VARIACIÓN MOLECULAR EN PROGENITORES E HÍBRIDOS F₁ DE CHILE HABANERO (<i>C. chinense</i> Jacq.)	91
Introducción	91
Materiales y Métodos	92
Resultados	95
Discusión	100
CAPÍTULO VII. DISCUSIÓN GENERAL, CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS	103
Discusión General	103
Conclusiones	107
Perspectivas	108
REFERENCIAS BIBIOGRÁFICAS	109
ANEXOS	135

LISTADO DE FIGURAS

Figura 1. Listado de nuevas variedades de chiles habanero (*C. chinense* Jacq.) de la península de Yucatán obtenidas en el Centro de Investigaciones Científicas de Yucatán (CICY) por el grupo de la Dra Santana-Buzzy.

Figura 1.1. Estrategia experimental para la obtención de híbridos de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) y evaluaciones a realizar.

Figura 2. Metodología para el desarrollo de cruzamientos en chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Figura 2.1. Producción de polen en los meses con temperaturas superiores a los 38 °C.

Figura 2.2. Producción de polen en los meses con temperaturas por debajo de 32 °C.

Figura 3. Análisis de componentes principales de diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) en base a las siete variables cuantitativas del fruto evaluadas, representado en dos componentes (C1: 44.65 %, C2: 33.43 %). LF: Longitud del fruto (cm), DF: Diámetro del fruto (cm), EF: Espesor del pericarpio (mm), NFP: Número de frutos por plantas, PPF: Peso promedio del fruto (g), RTO: Rendimiento (Kg/Pta), CC: Contenido de capsaicina mg/g PS. Cuadrantes: I, II, III y IV.

Figura 3.1. Dendrograma de análisis de conglomerados según UPGMA utilizando el coeficiente de distancia euclidiana para representar el agrupamiento entre los diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Figura 5. Distribución de los principales descriptores cualitativos que contribuyen a los ejes 1 y 2 (A) y la Distribución de los híbridos F₁ y progenitores evaluados (B), observados a partir de los análisis de correspondencia múltiple.

Figura 5.1. Análisis de componentes principales en híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) en base a 12 caracteres cuantitativos de la planta y del fruto. AP: Altura de la planta, LT: Longitud del tallo, DT: Diámetro del tallo, LLH: Longitud limbo hoja, ALH: Ancho del limbo hoja, LF: Longitud del fruto, DF: Diámetro del fruto, GP: Grosor del Pericarpio, NFP: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto, RTO: Rendimiento, CC: Contenido de capsaicina.

Figura 5.2. Dendrograma del análisis de conglomerados según UPGMA utilizando el coeficiente de distancia euclidiana para representar el agrupamiento de híbridos de chile habanero (*C. chinense* Jacq.). Grupos: A, B, C, D y E.

Figura 6. Perfiles SSR de algunos de los híbridos (H8, H10 y H60) seleccionados de chile habanero, en gel de agarosa al 2 % obtenidos con los diferentes iniciadores; M: marcador molecular de 1 Kb; P: Padres; H: Descendencia F_1 . La primera banda corresponde al progenitor femenino, la segunda banda al progenitor masculino y las bandas restantes corresponden a la descendencia F_1 .

Figura 6.1. Dendrograma de promedio aritmético de grupo de pares no ponderado (UPGMA) consensuado por SSR e ISSR basado en el coeficiente de Jaccard que muestra las relaciones entre los genotipos de chile habanero (progenitores y sus híbridos F_1) determinadas usando datos acumulativos.

LISTADO DE TABLAS

Tabla 2. Características agronómicas del fruto de las variedades de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) seleccionadas para el programa de cruzamiento.

Tabla 2.1. Características cualitativas asociadas al fruto de los progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) seleccionados para el programa de cruzamiento.

Tabla 2.2. Efectividad de cruzamiento de los progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) en cada ciclo de siembra.

Tabla 2.3. Porcentaje de efectividad de cruzamientos por cada progenitor de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) según los diseños empleados y ciclos de siembra empleados.

Tabla 2.4. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) por cada cruza realizada durante el Ciclo 1 mediante el diseño Top Cross.

Tabla 2.5. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) por cada cruza realizada durante el Ciclo 1 mediante el diseño Biparental.

Tabla 2.6. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) por cada cruza realizada durante el Ciclo 2 mediante el diseño Top Cross.

Tabla 2.7. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) por cada cruza realizada durante el Ciclo 2 mediante el diseño Biparental.

Tabla 3. Análisis de varianza de las variables cuantitativas de la planta y del fruto en diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Tabla 3.1. Porcentaje de germinación y vigor de las plántulas de los progenitores de *Capsicum chinense* Jacq.

Tabla 3.2. Evaluaciones fenológicas realizadas a los progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Tabla 3.3. Evaluación cuantitativa a nivel de planta en los progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Tabla 3.4. Evaluación cuantitativa del fruto en los diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) estudiados.

Tabla 3.5. Estudio de los parámetros genéticos en las siete variables cuantitativas de fruto en diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Tabla 3.6. Correlación fenotípica entre las siete variables cuantitativas en diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Tabla 3.7. Análisis de componentes principales en las siete variables cuantitativas del fruto evaluadas en diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Tabla 3.8. Comparación de los grupos revelados por el análisis de conglomerados utilizando los respectivos promedios de las seis variables cuantitativas evaluadas para la diferenciación genética de los diez progenitores de *C. chinense* Jacq.

Tabla 4. Analyses of variance and mean squares of habanero pepper variables assessed in the LinexTester design.

Table 4.1. Comparison of the mean values of the six fruit variables studied in the ten parents and the 16 hybrids of habanero pepper obtained.

Table 4.2. General combining capacity (ACG) in the six fruit variables for the 10 progenitors of habanero pepper used in the study.

Tabla 4.3. Specific combining capacity (SCA) and heterosis (H) values in 16 habanero chili hybrids for the six fruit variables studied.

Table 4.4. Habanero pepper hybrids' percentages of heterobeltiosis (Hb) obtained in this work for yield and some related variables.

Tabla 5. Nomenclatura y relación de híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*) que fueron evaluados por los descriptores morfológicos.

Tabla 5.1. Descriptores morfológicos evaluados y su clasificación observada en híbridos F₁ y progenitores de *C. chinense*, según el IPGRI (1995) y el SNICS (2015).

Tabla 5.2. Porcentaje de distribución y sus índices de diversidad de los descriptores cualitativos de planta y de frutos, en híbridos F₁ y progenitores de *C. chinense* Jacq.

Tabla 5.3. Porcentaje de la varianza en el análisis de correspondencia múltiple en descriptores cualitativos en híbridos F₁ y progenitores de *C. chinense* Jacq.

Tabla 5.4. Resumen de las características cualitativas principales de los frutos en los híbridos F₁ chile habanero obtenidos.

Tabla 5.5. Análisis de varianza de las características cuantitativas (de planta y de fruto) en los híbridos F₁ de chile habanero evaluados.

Tabla 5.6. Porcentaje de germinación y vigor de las plántulas de los híbridos F₁ de *Capsicum chinense* Jacq.

Tabla 5.7. Evaluaciones fenológicas realizadas en los híbridos F₁ de chile habanero.

Tabla 5.8. Evaluación cuantitativa de la planta en los híbridos F₁ de chile habanero.

Tabla 5.9. Evaluación cuantitativa de los frutos en los híbridos F₁ de chile habanero.

Tabla 5.10. Correlación fenotípica entre los descriptores cuantitativos de planta y de frutos en híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Tabla 5.11. Análisis de componentes principales señalando valores y vectores propios de 12 descriptores cuantitativos de plantas como de frutos, en híbridos F₁ de *C. chinense* Jacq.

Tabla 5.12. Medias de los descriptores cuantitativos para cada uno grupos formados por el dendrograma, en híbridos F₁ de *C. chinense* Jacq.

Tabla 5.13. Principales características visuales de los frutos de los progenitores e híbridos evaluados de chile habanero (*C. chinense*).

Tabla 6. Progenitores (P) y combinaciones utilizadas en un diseño de cruzamiento Line x Tester para obtener híbridos F₁ de chile habanero (H).

Tabla 6.1. Estado alélico y contenido de información polimórfica (CIP) obtenidos con los marcadores moleculares utilizados en este trabajo.

LISTADO DE ANEXOS

Anexo 2. Evaluación de la eficiencia de cruzamientos en progenitores de chile habanero.

Anexo 5. Caracterización de planta de progenitores e híbridos F₁ de chile habanero.

Anexo 5.1. Caracterización del fruto de progenitores e híbridos F₁ de chile habanero.

Anexo 5.2. Diversidad en la forma y color de los híbridos de chile habaneros obtenidos y sus progenitores.

Anexo 5.3. Explicación gráfica de algunos de descriptores más utilizados en la caracterización de variedades e híbridos de chile habanero.

Anexo 6. Extracción del DNA Genómico en hojas de chile habanero.

RESUMEN

Este trabajo tuvo dos objetivos, obtener un híbrido de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) para consumo en fresco, con mayor rendimiento y pungencia que los híbridos comerciales; y otro híbrido con valores de pungencia superiores a 350,000 SHU, para la industria. Se hicieron dos diseños genéticos de cruzamientos (top cross y biparental) utilizando diez variedades como progenitores, a los que se les calcularon diferentes parámetros genéticos-estadísticos. Para el estudio morfoagronómico de los 50 híbridos obtenidos, se midieron variables cualitativas y cuantitativas. En el estudio molecular se usaron microsatélites e intermicrosatélites para determinar la variabilidad genética entre padres e híbridos. La mayor efectividad de cruzamientos y el mejor promedio de número de semilla por fruto se obtuvieron en los meses de agosto-febrero. Los análisis estadísticos del top cross mostraron que, la variedad RNJ-04 se destacó como probador masculino. Todos los progenitores tuvieron una alta heredabilidad para los principales componentes del rendimiento y contenido de capsaicina. Tanto el análisis de componentes principales como el dendrograma, mostraron una clara separación entre los genotipos con mayor rendimiento, de los que tenían mayor contenido de capsaicina. Las variables cuantitativas evaluadas mostraron una alta variabilidad genética entre los híbridos obtenidos. Con independencia del rol (masculino o femenino) de los progenitores en las cruas, el color rojo del fruto y la textura rugosa de la superficie del fruto, resultaron caracteres dominantes en los híbridos. Se demostró molecularmente la heterocigosidad de los híbridos, y los marcadores usados demostraron su eficacia para revelar los polimorfismos entre progenitores e híbridos. Ocho híbridos mostraron un gran potencial productivo y otros cuatro híbridos, se destacaron por sus mayores contenidos de capsaicina.

ABSTRACT

This work had two objectives: to obtain a habanero chili hybrid (*Capsicum chinense* Jacq.) for fresh consumption, with higher yield and pungency than commercial hybrids; and another hybrid with pungency values greater than 350,000 SHU, for the industry. Two genetic designs of crosses (top cross and biparental) were made using ten varieties as parents, to which different genetic-statistical parameters were calculated. For the morphoagronomic study of the 50 hybrids obtained, qualitative and quantitative variables were measured. In the molecular study, microsatellites and intermicrosatellites were used to determine genetic variability between parents and hybrids. The highest effectiveness of crosses and the best average seed per fruit were obtained in the months of August-February. The statistical analysis of the top cross showed that RNJ-04 variety stood out as a male tester. All parents had a high heritability for the main components of yield and capsaicin content. Both the principal component analysis and dendrogram showed a clear separation between the genotypes with the highest yield, from those with the highest capsaicin content. The quantitative variables evaluated showed high genetic variability among the hybrids obtained. Regardless of the role (male or female) of the parents in the crosses, the red color of the fruit and the rough texture of the surface of the fruit were dominant characters in the hybrids. The heterozygosity of the hybrids was demonstrated molecularly, and the markers used demonstrated their efficiency in revealing polymorphisms between parents and hybrids. Eight hybrids showed great productive potential and another four hybrids stood out for their higher capsaicin content.

INTRODUCCIÓN

El modelo de estudio de esta investigación es el chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) perteneciente al género *Capsicum* de la familia Solanácea. Esta especie se cultiva en México, Centroamérica y el Caribe. México ocupa el primer lugar como país consumidor, segundo lugar en producción (3.2 millones de toneladas) y tercero en superficie cosechada, después de China y Turquía (SIAP, 2019). México es el país más competidor y mejor proveedor de chile a nivel mundial (Coop *et al.*, 2011). La producción de chile habanero se concentra en la región sureste, en los estados de Tabasco, Yucatán, Quintana Roo y Campeche. También existen reportes de su cultivo con fines comerciales en otros estados del país tales como: Veracruz, Chihuahua, Jalisco, Tamaulipas, Guerrero y Sinaloa (SIAP, 2019).

La producción de chile habanero en el 2019 a nivel nacional fue de 20,829.61 t, de las cuales el 49.37 % se cosecharon en la región del sureste mexicano (Yucatán, Campeche, Quintana Roo, Tabasco y Chiapas). El 50.63 % restante de la producción se produjo en los restantes estados de la República (SIAP, 2019). La ausencia de variedades mejoradas ha sido uno de los factores del lento desarrollo de este cultivo en la región (Coop *et al.*, 2011).

México, es el centro de reserva genética del género *Capsicum* (Latournerie *et al.*, 2001) y Yucatán es el centro de diversidad genética del chile habanero (Santana *et al.*, 2016). El chile habanero es considerado una de las especies más picantes del mundo, conferido por su alta concentración de capsaicinoides, y se diferencia del resto por su olor, sabor y pungencia, razón por la cual obtuvo la denominación de origen en el 2010 en el Diario Oficial de la Federación (DOF, 2012; IMPI, 2010) y posteriormente la resolución del “PROYECTO de Norma Oficial Mexicana PROY-NOM-189-SCFI-2017” (NOM, 2017). En la península de Yucatán, existe una amplia diversidad intraespecífica de chile habanero, en cuanto a diferentes formas, tamaños, colores, sabores y pungencia; por ello, se han realizado estudios para profundizar en el conocimiento de la diversidad morfológica de chiles regionales en esta zona (Canto-Flick, 2007) y de la pungencia (Teodoro *et al.*, 2013). Sin embargo, existen muy pocos datos sobre las características moleculares de estas variedades (Montalvo-Peniche, 2007), por lo que es necesario revelar la diversidad que existe a nivel genotípico a fin de complementar la información existente (Herrera, 2013).

La obtención de híbridos constituye una alternativa de producción, que facilita al productor un alto potencial de rendimiento, buena adaptación climática y resistencia a las principales enfermedades, así como mejor calidad del fruto, al ser superior a las características de sus progenitores. Por lo que, se hace necesario obtener variedades híbridas para su uso con diferentes propósitos comerciales (Rodríguez *et al.*, 2018).

Por lo antes expuesto, a través del mejoramiento genético apoyado de las técnicas moleculares, se ha logrado obtener variedades con características superiores para diferentes propósitos (Santana-Buzzy *et al.*, 2018). Estos avances en la mejora de chile habanero han repercutido en el incremento de los rendimientos, disminución de los costos de producción, ampliar el período de siembra, e incrementar las áreas de producción. Por lo que, el Programa de Mejoramiento del chile habanero en la Península de Yucatán, va dirigido al rendimiento y a la calidad del fruto (pungencia) con fin de obtener híbridos más productivos y más pungentes.

El objetivo general de esta investigación fue caracterizar morfoagronómica y molecularmente híbridos F₁ de chile habanero, conocer su potencial de rendimiento para el consumo fresco e industrial, a partir de 10 progenitores de alto valor agronómico.

CAPÍTULO I. ANTECEDENTES

1.El chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) Generalidades.

El género *Capsicum* es originario de América y está compuesto de 38 especies, de las cuales cinco han sido domesticadas y son ampliamente cultivadas en todo el mundo. México ha sido reconocido como un centro de diversidad de chiles en el que además de encontrar cuatro de las especies domesticadas (*C. annum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. pubescens*), es hábitat de especies silvestres, que pueden ser utilizadas como recursos genéticos en programas de mejoramiento genético (Nass *et al.*, 2015; Bosland y Votava, 2012).

La clasificación del cultivo del chile puede establecerse fácilmente hasta el nivel de género (USDA, 2016), pero debido a su gran diversidad, la diferenciación a nivel de especie y variedad es muy complicada. La misma es como sigue: Reino: *Plantae*, División: *Magnoliophyta*; Clase: *Magnoliopsida*; Subclase: *Asteridae*; Orden: *Solanales*; Familia: *Solanaceae*; Subfamilia: *Solanoideae*; Tribu: *Capsiceae*; Género: *Capsicum*; Especie: *Capsicum chinense*; Jacq.

El chile habanero es una planta monoica, hermafrodita y autógama facultativa (Allard, 1960), que puede autopolinizarse naturalmente. Diversos autores como Gutiérrez (2017) y Guenko (1983) han indicado que el chile habanero tiene un ciclo anual que puede alcanzar hasta 12 meses de vida, según su manejo agronómico. Los frutos se clasifican como una baya hueca en forma de trompo, poco carnosa y tienen entre tres y cuatro lóbulos; es muy picante y aromático, su color antes de alcanzar la madurez generalmente es verde; sin embargo, cuando madura puede presentar variantes de color amarillo, naranja, rojo, morado o café. Suelen ser de tamaño y forma variable. Las semillas son lisas, ovaladas y pequeñas (2.5 a 3 mm), su periodo de germinación dura de 8 a 15 días. El sabor picante se debe a la capsaicina, sustancia que se encuentra en la placenta de la semilla.

Este cultivo demanda para su manejo una cantidad de agua relativamente alta (550 a 700 mm por ciclo), sobre todo durante las etapas de floración, fructificación y llenado de fruto. Se desarrolla mejor en regiones con temperatura promedio superior a 24 °C, poca variación entre las temperaturas diurnas y nocturnas, humedad aprovechable del suelo entre 80 y 90 %, además no tolera temperaturas menores a 15 °C (Ruiz-Lau *et al.*, 2011).

Los suelos predominantes de la península de Yucatán son los leptosoles y en segundo término los luvisoles, vertisoles y regosoles. De acuerdo con las características de los leptosoles en interacción con las características del cultivo, de que no tolera excesos de humedad ni presenta una alta demanda nutrimental, es que en parte se puede explicar a la favorable adaptación y, en consecuencia, las características particulares que presenta el chile en la península de Yucatán (Borges-Gómez *et al.*, 2014; Guenko, 1983).

Capsicum chinense fue introducido en Cuba, aunque en la isla no se siembra ni se consume, de ahí se cree que fue traído a la Península de Yucatán (Ruiz-Lau *et al.*, 2011). De acuerdo con varios autores (Gutiérrez, 2017 y Pérez-Castañeda *et al.*, 2015), el chile fue traído desde Cuba a Yucatán por los españoles, de allí su nombre “Habanero”, entre los años 250 d.C. y 1000 d.C. Sin embargo, algunas investigaciones recientes reportan evidencia del contacto precolombino vía marítima, entre los tainos (aborígenes de Puerto Rico) y los mayas del periodo clásico (Pérez-Castañeda *et al.*, 2015).

México, es el país del mundo con mayor diversidad en *Capsicum*, por lo cual es considerado el Centro de Diversidad Genética del Género (Puc-Chan, 2015). Aunque se produce en estados, son las entidades que forman la Península de Yucatán (Yucatán, Quintana Roo y Campeche) las que poseen la Denominación de Origen en el 2010 en el Diario Oficial de la Federación (DOF, 2012; IMPI, 2010), donde las condiciones de clima y de características del suelo imperante en la región, han hecho que se logre una buena adaptación de este cultivo y que el fruto tenga buenas características organolépticas lo hace (Santana-Buzzy *et al.*, 2016); de ahí que la Península sea el Centro de Reserva Genética de este cultivo (NOM, 2017).

Para la Península de Yucatán, los índices de producción son: superficie con 409.91 ha, para una producción de 5012.92 t, y un rendimiento de 12.95 t/ha. Yucatán como estado, tiene un 54.31 % de esa superficie, un 53.84 % de la producción y los rendimientos oscilan para campo abierto entre 12.52 a 14.95 t/ha. La producción en invernadero de este cultivo, en condiciones óptimas, es de 90 a 100 t/ha al año con un rendimiento de 36.20 t/ha; con el uso de híbridos, se espera alcanzar más de 40 t/ha. Se estima que, de la producción total, el 75 % se destina para el consumo en fresco, 22 % lo utiliza la industria en la elaboración de salsas y 3 % se destina a la obtención de semilla (SIAP, 2019).

El chile habanero es uno de los de mayor pungencia o picor en el mundo (150, 000 – 350, 000 SHU), esa cantidad de capsaicina ha sido determinante en el incremento de la demanda de esta especie en el mercado nacional e internacional (Canto-Flick *et al.*, 2008), sobrepasada solamente por las variedades foráneas Carolina Reaper (2.2 millones de SHU) y Naja Jolokia (1.04 millones de SHU) (Scoville, 1912).

Muñoz-Ramírez *et al.* (2018) realizaron un estudio con estas variedades foráneas e incluyeron la variedad Trinidad Moruga Scorpión, en las condiciones de la Península de Yucatán donde, no solo estas variedades obtuvieron valores de pungencia de 3.00 millones de SHU para Carolina Reaper, 1.93 millones de SHU para Naja Jolokia y de 2.36 millones de SHU para Trinidad Moruga Scorpión, sino que todas rompieron el récord Guinness de pungencia para las que fueron reportadas.

Actualmente México no cuenta con un banco de germoplasma que tenga toda una colección de todos los chiles silvestres, semidomesticados y domesticados, cuya variabilidad es abundante y de gran valor como germoplasma (Alejandro, 2014). De acuerdo con la Dra Nancy Santana Buzzy (Santana-Buzzy, 2018), del Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY), la misión de los trabajos de chile habanero hasta la fecha (15 años), han sido de establecer las bases científico-técnicas para el mejoramiento genético reciente de un cultivo que no solo es un símbolo, sino también materia prima de diversas industrias y la base del sustento de un gran número de familias en la región.

Establecer un programa de mejoramiento, ha permitido poner a disposición de la sociedad, de variedades mejoradas que conservan aquellos atributos que distinguen al chile habanero de la Península. Estas variedades tienen características morfológicas y/o agronómicas que las distinguen dentro de la gran diversidad de variedades de esta especie en la región (Santana-Buzzy *et al.*, 2018). El CICY cuenta con un banco de germoplasma de *C. chinense* con más de 200 accesiones en la Unidad de Bioquímica y Biología Molecular (UBBM), el cual es reservorio de gran parte de la diversidad de esta especie en la región que representa una vía para la protección de estos valiosos recursos genéticos. En este banco de semillas se conservan numerosas accesiones de chile habanero. Esta diversidad está representada por variedades de chiles de diversos colores: naranja, rojo, amarillo, blanco que madura rojo, morado y chocolate o cubano, epítetos con los que se le conoce a este cultivo. Además, se caracterizan por su productividad, rendimientos y por la calidad de sus frutos. Como resultado de un trabajo sostenido y sistemático de la Dra Santana, el Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas (SNICS) aprobó el registro en el *Catálogo Nacional de Variedades*

Vegetales (CNVV), de las nueve variedades de chile habanero mencionadas; tres de estas variedades cuentan con el Título de Obtentor (SNICS, 2020).

2. Mejoramiento genético.

El Mejoramiento Genético según Vallejo *et al.* (2013), es el arte de alterar o modificar la herencia de las plantas para obtener variedades o híbridos mejorados genéticamente, adaptados a condiciones específicas, de mayores rendimientos y de mejor calidad que las variedades nativas o criollas. La mejora en plantas se originó hace más de 10 000 años en Mesopotamia la cual consistía en un ajuste genético de las plantas realizado por el hombre, manipulando las características fisiológicas y de estructura de la planta (Zavala, 2017; Puc-Chan, 2015), los que difieren radicalmente de sus antepasados (Allard, 1960). Desde la prehistoria, el hombre ha seleccionado y mejorado especies vegetales, animales y microbianas basándose en el fenotipo. Las mejoras genéticas eran posible gracias a la variabilidad genética, a la heredabilidad del carácter que se quería aislar, a la eficacia e intensidad de la selección aplicada, y al tiempo necesario para realizar un ciclo de selección (Allard, 1960).

La base conceptual del mejoramiento genético está en las leyes de la herencia (Dawkins, 1900) que explican los rasgos de los descendientes, a partir del conocimiento de las características de sus progenitores, en la genética cuantitativa, de poblaciones y de conservación, así como, en las bases moleculares de la herencia, la biotecnología y programas estadísticos (Falconer, 1981). Esto requiere en el plano de la investigación genética, la consideración de cambios en la priorización de objetivos, en las técnicas de selección y en la búsqueda y utilización de variabilidad genética (Flores, 2013).

El mejoramiento genético en hortalizas en México, se ha limitado a pocas especies, principalmente a cultivos de mayor interés culinario, con demanda constante en el mercado nacional e internacional y por la basta diversidad genética existente en especies como el ajo (*Allium sativum* L.), cebolla (*Allium cepa* L.), chile (*Capsicum annum* L.), jitomate (*Solanum lycopersicum* L.), papa (*Solanum tuberosum* L.) y tomate de cáscara (*Physallis ixocarpa* Brot.) (González-Pérez *et al.*, 2021) y en chile habanero (Santana *et al.*, 2018), cuya importancia económica radica en la exportación.

Para el caso del chile, México tiene la mayor variabilidad genética de la especie *C. annuum* (jalapeños, guajillos, serranos anchos, pasillas, de árbol, etc.; así también, se tienen otras especies de importancia como *C. chinense* (habanero), *C. pubescens* (chile perón o manzano) y *C. frutescens*, del que solo se tienen materiales silvestres y semidomesticados (chilpayas o chiles tabasco) (Ramírez-Meraz *et al.*, 2015).

Según González-Pérez *et al.* (2021), la investigación en chile en México se inició en el Instituto de Investigaciones Agrícolas (IIA) y en la Oficina de Estudios Especiales (OEE) en los años 50's. Esta última, inició un programa de mejoramiento genético en 1952 que en 1956 se movió al Campo Experimental (CE) el Horno. En ese mismo periodo se conformó el banco de germoplasma de chile en el CEBAJ (Bajo), con más de dos mil accesiones de los diferentes grupos raciales de *Capsicum*. Con esa variabilidad genética durante los 35 años de existencia de INIFAP, se han liberado 21 materiales de chile: dos variedades y tres híbridos de chile serrano; tres variedades y dos híbridos de habanero; tres variedades de jalapeño; dos variedades y dos híbridos de chile ancho; dos variedades y un híbrido de guajillo, y una variedad de chile puya. De los cuales en chile habanero se destacan Jaguar, Mayapan y Calakmul, con mayor impacto económico (SNICS, 2020).

Avilés *et al.* (2006) reportan que en investigación sobre chile habanero sobresale Yucatán con 79.3% de los estudios, realizados en 16 instituciones, destacando el Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas Forestales y Pecuarias (INIFAP), el Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY), TECNM campus conkal, y la Universidad Autónoma de Yucatán (UADY) que son responsables del 80.1 % de las investigaciones. Asimismo, se indica que 58.5 % han sido trabajos de investigación aplicada sobre líneas de mejoramiento tradicional, industrialización y comercialización, mejoramiento genético biotecnológico y sanidad. En este sentido, investigadores del programa de mejoramiento genético de hortalizas de los diversos Campos Experimentales del Instituto Nacional de Investigaciones, Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) de México, han estado trabajado en la selección individual, selección masal, masal estratificada, pedigrí, método de descendencia de una semilla (SSD), formación de líneas puras mediante autofecundación para la formación de híbridos y el uso de haploidía en chile (González-Pérez *et al.*, 2021; Santiago-López *et al.*, 2020).

Por otro lado, el TECNM campus conkal también ha venido trabajando para el mejoramiento genético, manejo agronómico del cultivo y evaluación del germoplasma de chile habanero, en Yucatán (González-Pérez *et al.*, 2021).

Ejemplos de trabajos que abordan estos temas son los referidos por Meneses-Lazo *et al.* (2018) sobre la caracterización fenológica y fisiológica de variedades experimentales de chile habanero con alto potencial agronómico; Latournerie-Moreno *et al.* (2015) evaluaron el germoplasma de doce poblaciones criollas de chile habanero en tres localidades de Yucatán.

En el CICY, el grupo de la Dra Santana, ha estado trabajando en la obtención de variedades e híbridos de chile habanero, donde ya se han obtenido cuatro híbridos de chile habanero con fines industriales por su alta pungencia (Muñoz-Ramírez, 2020) y 29 híbridos por su alto potencial de rendimiento (Peña-Yam, 2020), conjuntamente con las 9 variedades ya registradas (SNICS, 2020).

Los diferentes tipos de chiles, en Yucatán, que son conservados y aprovechados por los productores por su diversidad (Latournerie *et al.*, 2001); pero al mismo tiempo, se necesitan variedades mejoradas obtenidas a partir de ésta diversidad, aprovechando las condiciones de clima y suelo reinante en la región, para sí aprovechar la formación de híbridos locales y nacionales, debido a su gran importancia económica, cultural y social (Santana-Buzzy *et al.*, 2018).

2.1. Técnica de hibridación.

La hibridación es la técnica en la que se cruzan progenitores de diferente constitución genética, con el objeto de lograr la transferencia de características deseables (genes) entre los progenitores (Lobato-Ortiz *et al.*, 2010). Es el aprovechamiento de la generación F_1 proveniente del cruzamiento entre dos poblaciones P_1 y P_2 (poblaciones paternas) de la misma especie y, por lo tanto, pueden tener la estructura genotípica adecuada a los objetivos que se persigan en la utilización comercial de la F_1 , o bien como un aprovechamiento en el paso inicial o intermedio para aplicar algún otro método genético. De ahí que las poblaciones pueden ser líneas endogámicas, variedades de polinización libre, variedades sintéticas o también las poblaciones F_1 (Vallejo *et al.*, 2013).

Los efectos genéticos y la heterosis son datos importantes para evaluar el valor del potencial genético u otros caracteres económicos, de un grupo de progenitores en un programa de mejoramiento, así como de las progenies que resultaron del cruzamiento entre ellos (Martínez-Zambrano *et al.*, 2005; Seneviratne y Kannangara, 2004). Por tanto, el resultado de la heterosis es la superioridad fenotípica de un híbrido sobre la media de sus padres con respecto a los rasgos tales como la tasa de crecimiento, el éxito reproductivo y el rendimiento (Pérez-Grajales *et al.*, 2009).

Existen dos hipótesis principales que explican el fenómeno de heterosis: la de *dominancia* (Bruce, 1910 citado por Esquivel, 2008) que se basa en la complementación de los alelos cuando estos se encuentran en estado heterocigótico en el individuo, y la de *sobredominancia* (East, 1908, citado por Esquivel, 2008), que se basa en que los descendientes híbridos deben poseer mayor cantidad de alelos dominantes que el que posee por separado cada uno de sus progenitores.

Las acciones genéticas aditivas, de dominancia, sobredominancia, epistaxis, así como las interacciones genético-ambientales, contribuyen al grado de heterosis. La mayoría de esos estudios se han realizado en *C. annuum*, y en pocas investigaciones se ha determinado la magnitud de heterosis en otras especies, como *C. chinense* y *C. pubescens* (Shrestha *et al.*, 2011).

El cultivo de chile por su gran diversidad genética tiende a expresar un alto vigor híbrido en el cual se ha encontrado heterosis para rendimiento que va de un 28% a un 47%, donde los valores más sobresalientes ocurrieron cuando son usados grupos ecológicos distantes con distintos progenitores (Flores, 2013), por lo que se debe de aprovechar el potencial de esta especie. Diversos investigadores han reportado efectos de heterosis alta en *Capsicum* spp., en largo y diámetro de fruto, número de semillas por fruto y rendimiento (Seneviratne y Kannangara, 2004; De Sousa y Maluf, 2003), en calidad de frutos (Pérez-Grajales *et al.*, 2009), peso de semillas por fruto, peso de 1000 semillas y número de frutos por planta (De León *et al.*, 2006), contenidos de vitamina C y capsaicinoides en diferentes grados de madurez de fruto (Cruz *et al.*, 2007) y para contenido de capsaicina (Zewdie y Bosland, 2000).

La importancia de la hibridación como método de mejoramiento genético puede ser útil en la obtención de genotipos de alto rendimiento y calidad de fruto, aprovechando la capacidad combinatoria y heterosis, para especies autógamas (Flores, 2013; Vallejo *et al.*, 2013). El conocimiento de la magnitud de los parámetros genéticos de la población base de selección, permite diseñar la mejor estrategia a seguir en programas de mejoramiento genético, aprovechando la capacidad combinatoria y heterosis de sus líneas bases (Rovaris *et al.*, 2011). Los diseños genéticos más utilizados son: biparentales, cruces múltiples, probador de línea x tester y dialélicos. El objetivo principal de estos diseños ha sido determinar las habilidades de combinación de progenies y líneas parentales, además de comprender la herencia de los rasgos investigados, para apoyar en la selección de los materiales (Amin *et al.*, 2014). La mejora de chiles picantes también ha sido desarrollada en función de la búsqueda de cultivares con elevados niveles de capsaicina, rendimiento y ácido ascórbico (Robi y Sreelathakumary, 2004).

2.2. Producción de híbridos.

La agricultura moderna demanda de la utilización de semilla de calidad, tanto para la producción que se hace a campo abierto como en el sistema protegido, en auge actualmente en el mundo. El sistema de cultivo protegido demanda el uso de cultivares híbridos F_1 para asegurar la productividad, homogeneidad y resistencia a enfermedades, por lo que este tipo de semilla tiene un alto precio, en ocasiones inaccesible para países pobres. Las ventajas del híbrido F_1 es que exhiben mayor uniformidad que sus progenitores, muestran bajo efecto ambiental, dada su condición heterocigota, presentan mayor potencial productivo que sus progenitores (Rodríguez *et al.*, 2018; Hernández *et al.*, 2014). Los principales cultivos que se producen bajo invernadero en México son el tomate, chile, pimiento y pepino. El chile habanero puede ser un cultivo alternativo de producción en invernadero, sobre todo en las regiones donde a campo abierto no tiene buen desarrollo (Ruiz-Bello *et al.*, 2016).

El incremento en la demanda del chile habanero y sus derivados, así como la oferta insuficiente por parte de los productores, ha provocado que los mejoradores trabajen en la elaboración de nuevos proyectos de investigación del tema. El uso de variedades importadas, insuficiente tecnología de producción, riesgo de erosión genética, susceptibilidad a plagas y enfermedades e insuficientes trabajos sobre la diversidad genética local, evidencian la necesidad de crear iniciativas para modernizar el cultivo y de apoyar la investigación científica que mejore la producción (Ruiz-Bello *et al.*, 2016; Tucuch-Has, 2012). Por lo tanto, se hace necesaria *una creación varietal constante y competitiva*, para lograr nuevos cultivares que satisfagan los diferentes propósitos comerciales, que presenten alto potencial de rendimiento y resistencia a las principales plagas en este cultivo (Rodríguez *et al.*, 2018; Fonseca-Boiteux *et al.*, 2014).

Uno de los propósitos principales de la polinización manual o artificial, tanto por productores como por mejoradores, es el recurso para ayudar al incremento en la cantidad de semillas presentes en el fruto y por consecuencia mayor calidad del fruto para el mejoramiento genético. Esta polinización se ha utilizado para demostrar los beneficios del polen comercial y compararlo con la eficiencia de las abejas para polinizar, y se ha encontrado que incrementa el porcentaje de amarre (hasta un 60 %), al ser comparado con otros métodos (Garruña-Hernández, 2012).

El 50% del área dedicada a esta hortaliza se siembra con materiales criollos, el resto con variedades de polinización libre y un área mínima con híbridos de reciente formación, desarrollados por empresas transnacionales, lo que propicia fuga de divisas que afecta la economía del país (Ruiz-Bello *et al.*, 2016).

En Yucatán se encuentran dos grupos de investigación trabajando en la obtención de híbridos de chile habanero: el del INIFAP donde ya ha desarrollado variedades híbridas de chile habanero como "Jaguar, Mayapan y Calakmul" (Ramírez *et al.*, 2018 a y b), y el del CICY, con un grupo de 29 F₁, de los cuales 10 se destacan por sus diferentes colores, formas y nivel de pungencia, así como de altos rendimientos, para diferentes mercados (Peña-Yam, 2020).

2.3. Métodos de selección y uso de los parámetros genéticos estadísticos.

Las poblaciones de las especies autógamas pueden ser homogéneas y homocigotas (constituidas por una sola línea pura) o heterogéneas y homocigotas (constituidas por mezclas de líneas puras) (Ruiz-Bello *et al.*, 2016; Tucuch-Has, 2012). La heterogeneidad de las poblaciones autógamas es debida, generalmente, a "Mezclas o a la segregación de algunos loci mutantes, cruzamientos naturales o heterocigosidad residual". Esta heterogeneidad es la base para la selección individual o masal en estas poblaciones. Entre los métodos de mejoramiento genético más utilizados en las especies autógamas se destacan los siguientes: La Selección (masal y de plantas individuales con prueba de progenie); Las Poblaciones obtenidas por hibridación (Genealógico o pedigrí, Poblacional o masal, Retrocruzamiento, Descendencia de Semilla Única o S.S.D y sus modificaciones y Selección recurrente) y el Uso del vigor híbrido en la generación F₁ (Vallejo *et al.*, 2013).

El objetivo principal de los diseños genéticos es determinar las habilidades de combinación de progenies y líneas parentales, además de comprender la herencia de los rasgos investigados (Amin *et al.*, 2014). Entre los diseños existentes para evaluar las cualidades de un conjunto de progenitores está el de *líneaxtester (lxt)* introducido por Kempthorne en (1957), la cual es una de las herramientas disponibles para estimar los efectos de combinabilidad y ayuda en la selección de padres deseables y cruzamientos para la explotación del mejoramiento en base a genealogía (pedigrí) (Fellahi *et al.*, 2013). Este diseño permite la evaluación con menos materiales experimentales en comparación con otros diseños, se ha utilizado en estudios sobre rendimiento y características agronómicas (Amin *et al.*, 2014; Elmyhum, 2013), así como en investigaciones dirigidas a la calidad del fruto (Bekele y Rao, 2013) y análisis de heterosis (Mahesh *et al.*, 2013). Otro diseño genético también utilizado es el *Biparental* (Márquez, 1988), que sirve para estudiar los efectos

genéticos y las varianzas genéticas para estimar las varianzas fenotípicas, genéticas y ambientales, útiles en las estimaciones de la heredabilidad (en sentido estrecho o amplio), para hacer predicciones de la respuesta a la selección.

La Aptitud Combinatoria (AC) ha sido considerada como un método ideal para evaluar el comportamiento de líneas o variedades, cuando se usan como progenitores en combinaciones híbridas. Sirve para seleccionar buenos progenitores para los diferentes programas de mejoramiento (Silva-Aguilar, 2011). La AC se divide en dos: la aptitud combinatoria *General (G)*, que estima el comportamiento promedio de una línea en combinaciones con otras líneas (Sprague y Tatum, 1942); ésta se debe a efectos genéticos aditivos, y es la estimación de la cuantía de los efectos de los genes de acción aditiva Jugenheimer (1981), o sea, estima el patrimonio genético de cada línea. Se evalúa mediante el uso de un probador de amplia variabilidad genética, esta prueba es inherente a cada línea en particular (Chávez y López, 1990), y la segunda es la aptitud combinatoria *Específica (E)*, que se refiere al comportamiento de una combinación de dos líneas específicas en una determinada cruce, la cual se juzga por la relación que existe entre el comportamiento de las líneas en una determinada cruce y el comportamiento medio de las líneas en una serie de cruces (Poehlman, 1983), citado por (Vallejo *et al.*, 2013).

El conocimiento de la magnitud de los parámetros genéticos de la población base de selección, permitirán diseñar la mejor estrategia a seguir en Programas de Mejoramiento Genético (Rovaris *et al.*, 2011). En este caso se verá facilitado en gran medida en la producción de líneas endogámicas para ensamblar sistemáticamente combinaciones deseables de genes y explotar la heterosis (Jansky *et al.*, 2016). Por su parte, las variedades seleccionadas tendrán la oportunidad para la introgresión de rasgos útiles de fuentes foráneas a las previamente cultivadas, gracias a la posibilidad de autofecundar y producir líneas homocigotas (Srivastava *et al.*, 2016).

3. Marcadores genéticos

Un marcador genético es una pequeña región de secuencias de DNA o un fragmento del DNA, que muestra polimorfismo (delección, sustitución e inserción de bases nitrogenadas) entre diferentes individuos, lo que permite identificar las características fenotípicas o genotípicas en un individuo; es un carácter cuantificable y permite detectar variación en una proteína o en una secuencia de DNA. Los marcadores moleculares son biomoléculas que se pueden relacionar con un rasgo genético. Las biomoléculas que pueden ser marcadores moleculares son las proteínas (antígenos e isoenzimas) y el DNA (genes conocidos o

fragmentos de secuencia y función desconocida). Tales fragmentos son asociados con una cierta localización en el genoma y pueden ser detectadas por medio de ciertas técnicas moleculares. Existen diferentes técnicas para detectar el polimorfismo, entre ellos la PCR (reacción en cadena de la polimerasa). Utilizando la PCR, la variación o el polimorfismo para una región específica de la secuencia de DNA, se puede identificar en función de las características de los productos, del peso molecular, actividad enzimática, estructura, o sitios de restricción (Jiang, 2013).

Los marcadores genéticos pueden ser clasificados en tres tipos: marcadores morfológicos, marcadores bioquímicos y marcadores moleculares (IPGRI y Cornell University, 2003). Los marcadores morfológicos se han venido utilizando para estudiar la diversidad genética, identificar plantas cultivadas y conservar los recursos genéticos (Yasmin *et al.*, 2006); los marcadores bioquímicos, también denominados marcadores proteicos son apropiados para calcular todos los parámetros poblacionales y para construir mapas genéticos (IPGRI y Cornell University, 2003), mientras que los marcadores moleculares nos permita distinguir entre diferentes grupos taxonómicos (hasta nivel de especie o subespecie), poblaciones, familias o individuos (Ríos *et al.*, 2009).

Gracias al avance de la técnica de PCR se desarrollaron varios tipos de marcadores moleculares, los cuales permitieron conocer los niveles de variación genética de diferentes poblaciones de estudio. Aunque el manejo y elección de los marcadores moleculares depende muchas veces de diferentes aspectos como; la capacidad de amplificar diferentes genomas, su nivel de reproducibilidad, grado de polimorfismo que se pueda detectar, así como, las especificidades que se puedan encontrar a nivel del locus, para elegir un buen marcador molecular debe considerarse ciertos aspectos como el nivel de laboriosidad de la técnica, la capacidad de inversión financiera de acuerdo al estudio que se quiera realizar (Tomas *et al.*, 2017).

Actualmente, la mayoría de los estudios que buscan analizar la diversidad genética se basan en el estudio de marcadores moleculares de DNA, los cuales permiten una precisa caracterización genotípica, superando las limitaciones que se presentan con el empleo de marcadores morfológicos y bioquímicos (Tomas *et al.*, 2017). Dentro de la técnica de amplificación por PCR, se pueden describir marcadores genéticos como los RAPD (Random Amplified Polymorphisms DNA), que amplifica segmentos de DNA utilizando indicadores de secuencia arbitraria para detectar polimorfismos en el DNA genómico. Así mismo el marcador molecular AFLP (Amplified Fragment Length Polymorphism) fue ampliamente empleado en estudios de caracterización genética, pero por su complejidad, laboriosidad y necesidad de

marcaje, se han dejado de utilizar. Otros marcadores moleculares muy recomendados son los SSR (simple sequence repeat) y los ISSR (Inter - Simple Sequence Repeats) (Jiang, 2013; 2017).

La diversidad genética ha jugado un papel primordial en la evolución, ya que es la base para la adaptación y la especiación. Niveles altos de diversidad, permiten a los mejoradores encontrar materiales con características deseables como altos rendimientos, mejores propiedades organolépticas y resistentes a estreses abióticos y/o bióticos (Hendrick, 2001). México presenta un lento desarrollo en relación con el aprovechamiento de su diversidad, sin embargo, esta área es de interés para los mejoradores, porque favorece la identificación de características deseables en los cultivos, para el comercio y/o la industria, con las que se pueden establecer las bases del desarrollo de nuevas variedades (Ayala *et al.*, 2015).

En Chile habanero existe una amplia diversidad intraespecífica, que se expresa en las diferentes formas, tamaños, colores, sabores y pungencia de las variedades (Bharath *et al.*, 2013). Se han realizado estudios para profundizar en el conocimiento sobre la pungencia (Antonious *et al.*, 2009) y sobre la diversidad morfológica de chiles regionales en Yucatán (Canto-Flick, 2007). Sin embargo, existen muy pocos datos sobre las características moleculares de las variedades presentes en Yucatán (Montalvo-Peniche, 2007), por lo que es necesario revelar la diversidad que existe a nivel genotípico a fin de complementar la información existente (Herrera, 2013).

El conocimiento sobre la diversidad existente en un cultivo, permitirá seleccionar correctamente el material vegetal que se va a usar en los programas de mejoramiento genético (Carvalho *et al.*, 2014). Una herramienta en la actualidad muy usada por los mejoradores genéticos, son los marcadores moleculares, que permiten seleccionar plantas con características agronómicas deseables basándose en la información genética y no en la información fenotípica (Acquaah, 2007). Los marcadores moleculares tienen la ventaja de que pueden identificar altos niveles de polimorfismo, no tienen interacción con el ambiente, y pueden aplicarse en cualquier estado de desarrollo de una planta (López-Espinosa *et al.*, 2018). Un marcador molecular ideal es aquel que es altamente polimórfico, codominante, preciso, reproducible, y de bajo costo (Jiménez-Cardoza, 2015). La codominancia de un marcador ofrece una ventaja frente a los otros marcadores, porque permite distinguir individuos homocigotos de heterocigotos (Kosman *et al.*, 2005).

En el mejoramiento tradicional, los marcadores moleculares han demostrado su utilidad para la clasificación de germoplasma y la identificación de especies (Ye *et al.*, 2019). Sin embargo, es importante elegir marcadores moleculares adecuados para usarlos de manera efectiva en el mejoramiento de plantas (Jiang, 2013). Hasta el presente, se han hecho pocos estudios para caracterizar la diversidad genética en chile habanero. En algunos de ellos se han usado marcadores SSR e ISSR, como son los trabajos de López-Espinosa *et al.* (2018) y Herrera (2013).

Se han utilizado marcadores moleculares en el género *Capsicum* (Ince *et al.*, 2010; Nagy *et al.*, 2007). A pesar de la variabilidad en los genotipos de *Capsicum*, registrada en trabajos previos de mejoramiento, en algunos estudios moleculares, los genotipos de pimientos cultivados exhibieron un bajo nivel de polimorfismo molecular (Nagy *et al.*, 2007). No obstante, en un estudio realizado en Yucatán, donde se obtuvieron variaciones genéticas de 14 accesiones de chile habanero, la diversidad intraespecífica de *C. chinense* fue mayor a la reportada previamente en germoplasma de diferentes fuentes; además, tanto los marcadores SSR como ISSR fueron útiles para revelar la diversidad genética y permitieron a los investigadores distinguir entre y dentro de chiles habaneros de diferentes tipos (Herrera, 2013).

4. Marcadores SSR e ISSR.

Existe un conjunto de marcadores ya disponibles para detectar polimorfismos del DNA genómico. Los microsatélites (SSR) como marcadores codominantes específicos del locus, pueden ser analizados por técnicas basadas en PCR de alto rendimiento. Se caracterizan por su alta abundancia genética, alto nivel de polimorfismo, codominancia y distribución en todo el genoma (Wang *et al.*, 2021).

Los microsatélites o también conocidos como repeticiones de secuencia simple (SSR), son fragmentos cortos de secuencias que consisten en repeticiones en tándem de unas unidades básicas que suelen variar entre 2-6 pares de bases (pb) de longitud de nucleótidos y que se repiten de varias a unas decenas de veces, generando una serie de cajas de secuencias repetidas. Estas regiones son hipervariables (entre y dentro de individuos) que cuando se amplifican mediante la PCR y se separan por su longitud los fragmentos obtenidos. Es posible encontrar un patrón de bandas polimórficas de longitudes diferentes que nos permite comparar las similitudes genéticas entre distintos individuos. Su detección se basa en la amplificación por PCR de la región que los contiene, empleando cebadores complementarios a las regiones flanqueantes, y la posterior visualización de la diferencia de tamaño de estos

amplicones. Son marcadores de DNA ideales ya que son altamente polimórfico entre individuos y muy abundante dispersándose uniformemente a lo largo de los genomas; se heredan de forma codominante, rápida y fácil de ensayo mediante reacciones en cadena de la polimerasa utilizando dos pares de cebadores que flanquean las repeticiones en tándem denominados dominio microsatélite; además, los pueden servir como sitios etiquetados con secuencia para anclar en mapas genéticos (Jiang, 2017).

Los SSRs han sido durante muchos años los marcadores preferidos para múltiples objetivos como auxiliares en el mejoramiento genético de plantas para el análisis de diversidad genética, establecimiento de huellas genéticas, análisis poblacionales, estudios de diversidad e identificación varietal, construcción de mapas genéticos a pungencia y resistencia a estrés, estudios de asociación, análisis de pureza de semillas, estudios filogenéticos y construcción de bibliotecas genómicas, así como para el mejoramiento asistido por marcadores, etc. (Ng y Tan, 2015; Herrera, 2013; Kalia *et al.*, 2011; Ince *et al.*, 2010).

Las ventajas que ofrecen los microsatélites se deben, en parte, al empleo de amplificación PCR con cebadores largos, específicos de cada locus, ya que el tejido que se utiliza no necesita ser de mucha calidad, e incluso DNA en estado avanzado de degradación es suficiente para analizarse. Su naturaleza codominante, que permite la distinción de homocigotos y heterocigotos, su amplia distribución en el genoma, su reproducibilidad y su elevada variabilidad (multialélicos) los han convertido en uno de los sistemas de marcadores genéticos más informativos y empleados. A pesar de que los SNPs (Single Nucleotide Polymorphism) están remplazando a los marcadores tipo SSR en estudios masivos, dado que pueden ser automatizados vía plataformas de genotipado de alto rendimiento, los microsatélites siguen siendo marcadores muy empleados, especialmente en estudios con un menor número de individuos (Picó, 2012).

En particular, los marcadores ISSRs (regiones entre secuencias simples repetidas o inter-microsatélites) emplean un único iniciador, compuesto de una secuencia microsatélite anclada en el extremo 3' ó 5', por dos o cuatro nucleótidos que son a menudo arbitrarios y degenerados. No se requiere de previo conocimiento de la secuencia del genoma para el diseño del iniciador. Superan la mayoría de estas limitaciones como la baja reproducibilidad, el alto costo y la necesidad de conocer las secuencias flanqueantes para desarrollar oligonucleótidos específicos para microsatélites (Jiang, 2017). Presentan las ventajas de no requerir información previa de los materiales a analizar, presentando alta repetibilidad, análisis multi-locus y sencillez técnica de realización (Tomas *et al.*, 2013).

Se han empleado en varios campos del mejoramiento de plantas, así como en áreas de diversidad genética, estudios filogenéticos, etiquetados de genes, mapeo genómico y biología de evolución, e identificación de cultivares y relaciones genéticas de varios cultivos (Meng *et al.*, 2011). Marcadores de este tipo fueron exitosamente empleados en el análisis de la variación genética entre germoplasma de varias especies de *Ziziphus* (Alansi *et al.*, 2017).

Las técnicas de SSR e ISSR, se han utilizado para evaluar la diversidad genética en la cebada (Sánchez *et al.*, 1996); para investigar la organización, frecuencia y nivel de polimorfismo de diferentes motivos SSR y huellas genéticas en el arroz (Blair *et al.*, 1999) y en papa (McGregor *et al.*, 2000). También los beneficios de utilizar marcadores microsatélites para el mejoramiento de diferentes caracteres, se ha demostrado en varias especies de plantas como el tomate (Frary *et al.*, 2005) y pepino (Gonzalo *et al.*, 2005). Además, se ha podido demostrar que estos marcadores ayudan a incrementar la probabilidad de encontrar genotipos deseados (Troconis-Torres, 2012), como en *Cucumis* spp. (Gonzalo *et al.*, 2005), tomate (Frary *et al.*, 2005), cebada (Li *et al.*, 2002), maíz (Sharopova *et al.*, 2002), el trigo (Gupta *et al.*, 2001), arroz (Temnykh *et al.*, 2000). Sin embargo, en Chile habanero hay muy pocos trabajos realizados del tema como son los de López-Espinosa *et al.* (2018) y Herrera (2013), en ají (*C. annuum*) por Lengua-Cabrera (2018).

Justificación

La Península de Yucatán es reconocida como un centro de diversidad genética del chile habanero (*C. chinense*) por la amplia gama que existe de colores, formas y picor del fruto, de ahí que el germoplasma de la especie juega un papel importante en el mejoramiento genético. Debido a la creciente e insatisfecha demanda del chile habanero en el mercado nacional e internacional, los escasos programas de mejoramiento, así como el riesgo de erosión genética de las variedades, se ha venido trabajando para generar variedades mejoradas e híbridos F_1 más productivos y pungentes, apoyado en la estimación de parámetros genéticos así como una caracterización morfoagronómica y molecular de los genotipos existentes, los cuales han proporcionado información sobre la variación genética existente en la población y sustenta así, el avance del proceso de selección.

El propósito de este estudio fue obtener un híbrido F_1 de chile habanero de color naranja, de alto rendimiento y nivel de picor, superior a las que se encuentran hoy en el mercado; así como, un híbrido F_1 con una pungencia superior a 350, 000 HSU independientemente del color del fruto. Por lo que, obtener híbridos para la producción comercial, significaría una garantía de calidad y productividad para el chile habanero, al aprovechar el vigor híbrido que se genera en ellos.

Objetivos

Objetivo General

Caracterización morfoagronómica y molecular de híbridos F₁ de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) con alto potencial de rendimiento para el consumo fresco e industrial, a partir de 10 progenitores de alto valor agronómico.

Objetivos Específicos

1. Desarrollar el programa de cruzamiento entre los genotipos de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) seleccionados mediante los diseños de top cross y biparental.
2. Estimar parámetros *genéticos* estadísticos para su uso en la selección de progenitores de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) empleados en la obtención de híbridos F₁.
3. Capacidad combinatoria, heterosis y heterobeltiosis para seleccionar híbridos F₁ altamente productivos de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.).
4. Caracterizar morfoagronómicamente híbridos F₁ de chile habanero en caracteres relacionados en los descriptores para *Capsicum* spp. establecidos por el SNICS.
5. Caracterizar molecularmente híbridos F₁ y progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Estrategia experimental

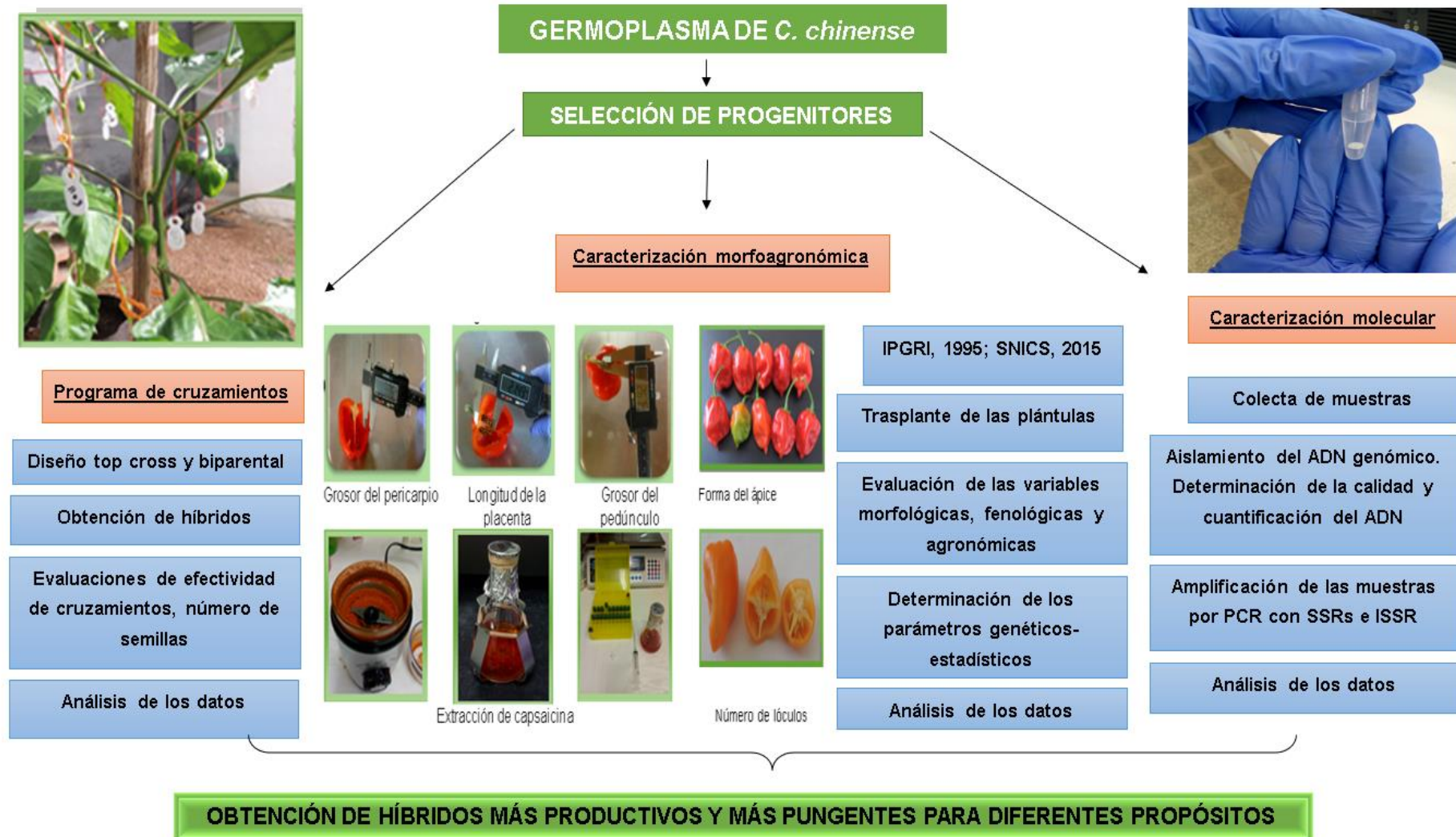


Figura 1.1. Estrategia experimental para la obtención de híbridos F₁ para diferentes propósitos.

CAPÍTULO II. PROGRAMA DE CRUZAMIENTOS ENTRE GENOTIPOS SELECCIONADOS DE CHILE HABANERO (*Capsicum chinense* Jacq.) MEDIANTE LOS DISEÑOS DE TOP CROSS Y BIPARENTAL

Introducción

En México el mejoramiento genético del chile juega un papel importante pues el material genómico de dos o más padres, se cruzan para obtener una descendencia superior a ellos (Cetzluit, 2005). Esto es posible mediante cruzamientos, con el propósito de combinar en la progenie los alelos no comunes en los progenitores, ampliar la variabilidad y mejorar la posibilidad de seleccionar plantas durante el proceso de selección. El trabajo consistió en hacer cruza entre líneas élite o variedades comerciales, siguiendo el esquema de hibridación y selección (Esquibel, 2008).

Los métodos de mejora más conocidos son la selección e hibridación (De Sousa y Maluf, 2003). Según estos autores, en la selección masal y la selección de líneas puras no se crean individuos nuevos, sino que se seleccionan aquellos con características superiores; en caso de la selección por pedigrí, selección masiva y la selección por descendencia de una sola semilla, sí se obtienen nuevos cultivares a través de 10 a 12 años de mejora. Sin embargo, con la hibridación mediante el proceso de heterosis, se pueden obtener individuos nuevos a través de la recombinación de genes que se encuentran en individuos separados obteniéndose una variedad superior a sus progenitores. Esta metodología se realiza con el objetivo de explotar el vigor híbrido, la variabilidad existente y seleccionar la cruza adecuada de acuerdo con las exigencias del consumidor.

Las técnicas de mejoramiento se han convertido en herramientas importantes para demostrar los resultados de los programas de mejoramiento (Amin *et al.*, 2014). La caracterización exhaustiva de los genotipos, la selección de esquemas de mejoramiento y la toma de decisiones en el manejo del cultivo, permiten la optimización de la selección haciendo eficiente el uso de recursos y tiempo (Möhrling, 2011).









Por lo anterior, el objetivo de este experimento fue seleccionar, de forma dirigida, un grupo de progenitores de *C. chinense* y mediante un diseño genético línea x tester (lxt), y el tratar de combinar características agronómicas sobresalientes (rendimiento y contenido de capsaicina)



entre los diferentes progenitores; así como realizar cruces biparentales para buscar mayor rendimiento.

Materiales y Métodos

Del germoplasma conservado en la Unidad de Bioquímica Vegetal y Biología Molecular (UBBMP) del Centro de Investigaciones Científicas de Yucatán (CICY), se seleccionaron diez variedades para utilizarse como progenitores y obtener híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense* Jacq.). La selección de genotipos se basó en sus características agronómicas sobresalientes en evaluaciones realizadas en estudios previos (Tabla 2 y 2.1).

Tabla 2. Características agronómicas del fruto de las variedades de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) seleccionadas para el programa de cruzamiento.

Variedades		NFP	PPF (g)	P (SHU)	NSP	RTO (Kg/Pta)
ASB-02 (P24)		155.18	16.82	383.440	50.5	2.61
NEK-03 (P25)		522.43	10.3	626.920	49.5	4.77
RNJ-04 (P26)		219.82	6.75	1,938.089	35.10	1.48
RHC-05 (P27)		382.43	12.89	405.230	49.2	3.22
NBA-06 (P28)		182.42	12.70	466.076	44.2	2.32
AKN-07 (P29)		149.06	16.68	426.973	49.3	2.49
RES-08 (P30)		108.95	7.77	2,368.535	42.9	0.85
MSB-09 (P31)		256.45	9.55	348.161	49.1	2.45

RKI-10 (P32)		169.85	14.10	859.457	52.7	2.39
NKA-11 (P32)		239.22	10.46	468.270	45.3	2.50

NFP: Número de frutos por planta; PPF: Peso promedio de frutos (g); P: pungencia, (SHU); NPS: número de semilla promedio; RTO: Rendimiento (Kg/Pta).

Tabla 2.1. Características cualitativas asociadas al fruto de los progenitores de chile habanero (*C. chinense*) seleccionados para el programa de cruzamiento.

Genotipos	Forma del fruto	Tipo de epidermis	Color del fruto estado inmaduro	Color del fruto estado maduro	No. Lóculos
P24	Acampanulado	Semi rugoso	Verde Claro	Amarillo	2-3
P25	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja	3-4
P26	Triangular	Fuertemente rugoso	Verde Claro	Rojo	3
P27	Triangular	Liso	Verde Claro	Rojo	3-4
P28	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja	4
P29	Acampanulado y en bloque	Liso	Verde Claro	Amarillo	3
P30	Triangular	Fuertemente Rugoso	Verde Oscuro	Rojo	3-4
P31	Acampanulado	Semi Rugoso	Verde Oscuro	Morado	3-4
P32	Triangular	Liso	Verde Claro	Rojo	3-4
P33	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja	3-4

Diseño de apareamiento genético: Se utilizaron un total de ocho variedades como progenitores femeninos (ASB-02, NEK-03, RHC-05, NBA-06, AKN-07, MSB-09, RKI-10, NKA-11), y dos variedades como probadores masculinos (RNJ-04 y RES-08). Los diez progenitores se cruzaron de acuerdo con el diseño de apareamiento Ixt informado por Kempthorne (1958), el modelo I del método 2 de Griffing's (efecto fijo) (Griffing, 1956) y se realizaron también cruces libres mediante el diseño Biparental (Márquez, 1988). Los cruces se realizaron de forma manual desde octubre de 2018 hasta abril de 2019. Cada cruzamiento se cosechó cuando el fruto estaba completamente maduro. Las semillas se extrajeron por separado y se colocaron en pequeñas cajas de Petri (65.7 x 14.7 mm de alto), en una estufa

La metodología a seguir para los cruzamientos en Chile fue la descrita por Peña-Yam (2020) (Figura 2).

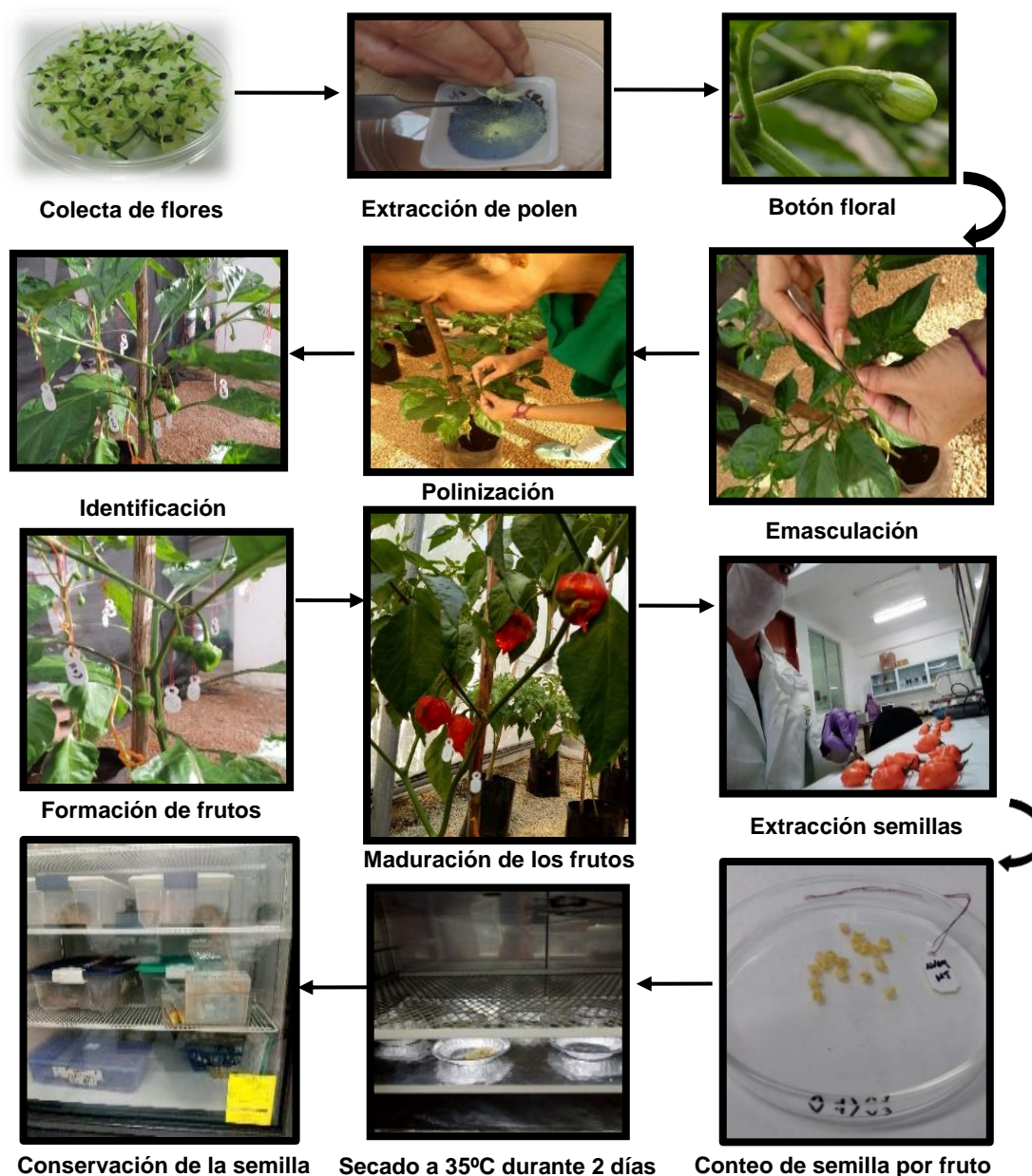


Figura 2. Metodología para el desarrollo de cruzamientos en Chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Condiciones para los cruzamientos: Se llevó a cabo en dos ciclos de siembras: ciclo 1 de marzo a julio del 2019 con temperatura > 38°C y Humedad relativa (HR) del 90% y ciclo 2 de agosto-febrero del 2020 con temperatura < 38°C y HR del 80% y ciclos de luz natural (aproximadamente, 11h de luz, 13 h de oscuridad), bajo invernadero de las áreas ubicadas en el CICY, calle 43 No. 130 x 32 y 34 Col, Chuburná de Hidalgo, 97205 Mérida, Yucatán, a 20°58'2.53" de Latitud Norte y 89°35'33.30" de Longitud Oeste, y a una altitud de 10 msnm

(SMN, 2017). Los valores de temperaturas y de humedad relativa se registraron en la estación meteorológica situada en el CICY.

Manejo de los progenitores: Las semillas de progenitores se desinfectaron con hipoclorito de sodio comercial (Cloralex 99.9%) durante 10 min, y se sembraron en charolas de poliestireno de 200 pocillos para que germinaran. Como sustrato se utilizó peat moss Sunshine (mezcla 3) (Sol®). Después de la siembra, las bandejas se cubrieron con plástico negro hasta que las semillas comenzaron a germinar, y cuando las plántulas cumplieron las medidas estándares para su trasplante, fueron llevadas al invernadero.

El trasplante se realizó en bolsas negras (40x40 cm) que contenían un sustrato compuesto por una mezcla 3:1 de tierra roja y Sunshine. Para promover el desarrollo del sistema radicular, se aplicó el fertilizante comercial Hakaphos® 13-40-13 (1g/L), una vez por semana durante el desarrollo de las plántulas. Semanalmente se aplicó fertilizante Triple 18 (3g/L) para mejorar el crecimiento vegetativo. El manejo agronómico de las plantas siguió los lineamientos para el cultivo de chile habanero en invernadero (Villa-Castorena *et al.*, 2014). La distancia entre plantas y entre líneas fue de 40 y 80 cm, respectivamente.

Evaluación de los progenitores: Se evaluaron variables como porcentaje de germinación, porcentaje de efectividad de cruzamientos y número de semillas por frutos, de cada una de las cruzas según lo descrito por el IPGRI, manual de descriptores del género *Capsicum* (IPGRI, 1995).

Resultados

Los valores promedios de temperaturas y de humedad relativa registrados por la estación meteorológica del CICY, fueron: para el período marzo-julio/2019 superiores a los 38 °C y 90 % de humedad; mientras que para los meses de Agosto/2019-Febrero/2020, las temperaturas estuvieron por debajo de los 32 °C y 80 % de humedad; esto causó diferencias entre ambos ciclos.

La efectividad en los cruzamientos por parte de cada progenitor, en cada ciclo de siembra se presenta en la Tabla 2.2. A pesar de que se realizó igual número de cruzamientos, como en el ciclo 2 las temperaturas fueron menores que en el ciclo 1, de las 67 cruzas se obtuvieron 464 frutos; mientras que en el ciclo 1 correspondiente a los meses de mayor temperatura, esto solo se correspondió a 22 combinaciones para 216 frutos logrados. El promedio de semillas por ciclos fue de 16-26 semillas para c1 y para c2 fue de 13-93 semillas. El c2 fue el

más adecuado para lograr mayor producción de semillas por las condiciones ambientales más favorables.

Tabla 2.2. Efectividad de cruzamiento de los progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) en cada ciclo de siembra.

Progenitores	CS	EC	TCR	NC	FL	NSP
		(%)				
P24 al P33	c1	16.5	1309	22	216	16-26
P24 al P33	c2	35.47	1308	68	464	13-93

CS: Ciclos de siembra, EC: Efectividad de cruzamientos (%), TCR: Total de cruzamientos realizados, NC: Número de combinaciones, FL: Frutos logrados, NSP: Número de semillas promedio.

Se analizó el porcentaje de efectividad de cada uno de los progenitores en el desarrollo de los cruzamientos en ambos ciclos de siembra (Tabla 2.3). La mayor efectividad en los cruzamientos se encontró en el ciclo 2 para el diseño de top cross. Al utilizar las variedades RCR-01, RNJ-04 y RES-08 como probadores femeninos, el de mejor resultado fue el RNJ-04 para cada ciclo de siembra con valores de 19.08 y 41.19 %, respectivamente. Sin embargo, cuando se emplearon estas mismas variedades, pero como probadores masculinos en el ciclo 1, no se obtuvo nada por las altas temperaturas reinantes durante el desarrollo de los cruzamientos; mientras que en el ciclo 2 los resultados fueron mejores, el probador RES-08 obtuvo mayor porcentaje de efectividad con 61.32 %. De manera general, para el diseño top cross, el mayor porcentaje de efectividad en los cruzamientos para los dos ciclos de siembra lo obtuvo el probador RES-08 seguido por RNJ-04.

Con respecto a las cruces del diseño biparental, entre los progenitores de frutos amarillos, el mejor fue el AKN-07 para el ciclo 1 con 15.58%, mientras que para el ciclo 2 fue el ASB-02 con 41.06 % de efectividad. Entre los progenitores de frutos naranjas el mejor fue el NBA-06 con 25.60 % en el ciclo 1 y para el ciclo 2, fue el NKA con 63.51%. El mayor porcentaje de efectividad entre las líneas utilizadas en los cruzamientos entre los dos ciclos, lo obtuvo NKA-11.

En resumen y con los resultados obtenidos, los mejores meses para realizar las cruces y lograr mejor cuaje de los frutos, son en los meses pertenecientes al ciclo 2.

Tabla 2.3. Porcentaje de efectividad de cruzamientos por cada progenitor de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) según los diseños empleados y ciclos de siembra empleados.

	Progenitores	Diseño genético	Efectividad de cruzamientos %	
			ciclo 1	ciclo 2
RCR-01	Probador ♀	Top Cross	0	5.26
RNJ-04			19.08	41.19
RES-08	Probador ♂		0	39.65
RCR-01			0	24.0
RNJ-04			0	27.50
RES-08			0	61.32
ASB-02	Progenitor ♀	Biparental	7.17	41.06
AKN-07			15.58	6.66
NEK-03			22.75	29.14
NBA-06			25.60	49.78
NKA-11			17.87	63.51
RCH-05			14.10	24.53
RKI-10			0	36.82
MSB-09			0	10.09

En el Anexo 2 se muestra imágenes de los cruzamientos realizados, cuaje y cruza logradas.

Se analizó la producción de polen en ambos ciclos de siembra. En el ciclo 1, las cruza no se pudieron realizar puesto que los testigos son más tardíos y no hubo casi floración, por la falta de polen debido a las altas temperaturas (Figura 2.1).

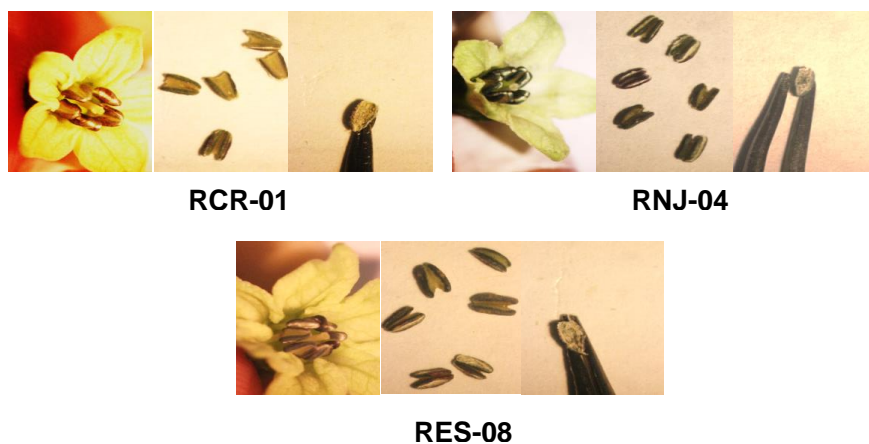


Figura 2.1. Producción de polen en los meses con temperaturas superiores a los 38 °C.

En el ciclo 2, se realizaron las cruzas que faltaban por la no producción de polen de algunos genotipos. En la figura 2.2 se observa la cantidad de polen y su fácil manejo y extracción de la flor, cuando las temperaturas promedio estuvieron por debajo de los 32 °C, lo que facilitó el cuaje de los frutos.

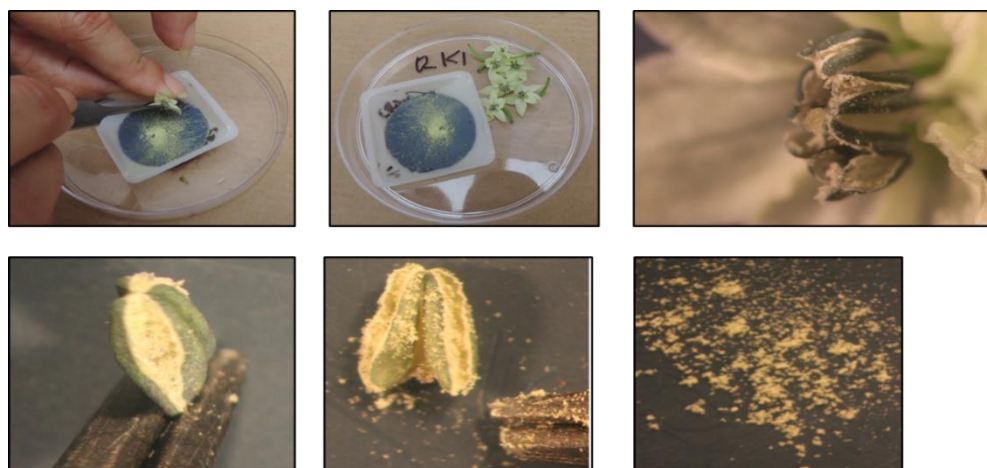


Figura 2.2. Producción de polen en los meses con temperaturas por debajo de 32 °C.

Con respecto al número de semillas promedio por cruzas obtenidas mediante el diseño top cross en el ciclo 1 (Tabla 2.4) fue de 16 a 26 semillas, en la mayoría de los cruzamientos, destacándose las cruzas provenientes del probador femenino RNJ-04, donde se obtuvieron 47 semillas (RNJ-04 x RHC-05) y 52 semillas (RNJ-04 x NKA-11), respectivamente.

Tabla 2.4. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq) por cada cruce realizada durante el ciclo 1 mediante el diseño top cross.

PROGENITOR		CICLO 1		TOP CROSS		No semillas	
♀	♂			♀	♂		
RCR-01	x NBA-06	0		ASB-02	x RCR-01	0	
	AKN-07	0		RHC-05		0	
	RES-08	0		NBA-06		0	
	MSB-09	0		AKN-07		0	
	RKI-10	0		RKI-10		0	
RNJ-04	x RCR-01	26		ASB-02	x RNJ-04	0	
	ASB-02	26		RHC-05		0	
	NEK-03	23		NBA-06		0	
	RHC-05	47		AKN-07		0	
	NBA-06	10		RKI-10		0	
	AKN-07	0					
	MSB-09	0					
	RKI-10	0					
	NKA-11	52					
RES-08	x RCR-01	13		NEK-03	x RES-08	0	
	RNJ-04	0		AKN-07		0	

No semillas: Número de semillas promedio por cruces, ♀: Femenino, ♂: Masculino

En el caso de las cruces obtenidas por el diseño biparental en el ciclo 1 (Tabla 2.5), el promedio de semillas por fruto de los progenitores de chile habanero fue de 16 a 50 semillas. Se obtuvieron los mayores valores en las cruces provenientes del progenitor naranja NBA-06 como femenino con valores de 40, 44 y 48, respectivamente y con el progenitor rojo RHC-05 como femenino con 45 semillas.

Tabla 2.5. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) por cada cruce realizada durante el ciclo 1 mediante el diseño biparental.

PROGENITOR		CICLO 1		BIPARENTAL		No semillas	
♀	♂			♀	♂		
ASB-02	x	NBA-06	24	AKN-07	x	ASB-02	35
		AKN-07	24				
		RKI-10	0				
		NKA-11	25				
NEK-03	x	NBA-06	36	NBA-06	x	NEK-03	40
		AKN-07	0			AKN-07	16
		RKI-10	38			RKI-10	44
		NKA-11	38			NKA-11	48
NKA-11	x	ASB-02	0	RHC-05	x	AKN-07	50
		NEK-03	46			MSB-09	48
		RHC-05	0			RKI-10	44
		NBA-06	43				
		AKN-07	0				
		RKI-10	41				
RKI-10	x	RHC-05	45	MSB-09	x	RHC-05	31
		MSB-09	42			RKI-10	16

No semillas: Número de semillas promedio por cruces, ♀: Femenino, ♂: Masculino

Para el ciclo 2, donde se empleó el diseño top cross (Tabla 2.6), el promedio de semillas fue de 13 a 93 por fruto en la mayoría de los cruzamientos, destacándose en este ciclo los probadores RNJ-04 y RES-08, quienes fueron mejores con respecto al probador RCR-01, del cual no se lograron frutos en ningún cruzamiento. El probador RNJ-04 obtuvo los mayores valores de semillas tanto cuando funcionó como progenitor femenino o masculino. No obstante, el probador RES-08 obtuvo valores satisfactorios cuando se utilizó como masculino, logrando en uno de sus cruzamientos, 93 semillas como promedio.

CAPÍTULO II

Tabla 2.6. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) por cada cruce realizada durante el ciclo 2 mediante el diseño top cross.

		CICLO 2		TOP CROSS			
PROGENITOR		No semillas		PROGENITOR		No semillas	
♀	♂			♀	♂		
RNJ-04	x	RCR-01	13	ASB-02	x	RNJ-04	44
		ASB-02	0	NEK-03			0
		NBA-06	17	RHC-05			74
		AKN-07	13	AKN-07			0
		RES-08	24	MSB-09			56
		MSB-09	26	RKI-10			50
		RKI-10	26	NKA-11			44
RES-08	x	RCR-01	13	ASB-02	x	RES-08	20
		ASB-02	0	NEK-03			37
		NEK-03	0	RHC-05			42
		RNJ-04	0	NBA-06			47
		NBA-06	0	AKN-07			0
		AKN-07	0	MSB-09			0
		MSB-09	0	RKI-10			40
		RKI-10	0	NKA-11			93
		NKA-11	35				

No semillas: Número de semillas promedio por cruces, ♀: Femenino, ♂: Masculino

Mientras en el caso de las cruces biparentales en el ciclo 2 (Tabla 2.7), el promedio de semillas por fruto de los progenitores estuvo entre 16 a 41 semillas. Los mejores valores se obtuvieron en las cruces provenientes del progenitor naranja NBA-06 y NKA-11 como femeninos, con valores ente 40 a 48 semillas, respectivamente; entre los progenitores rojos los mejores fueron RHC-05 y RKI-10 con 42 a 50 semillas.

Tabla 2.7. Producción de semilla de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) por cada cruce realizada durante el ciclo 2 mediante el diseño biparental.

CICLO 2 BIPARENTAL						
PROGENITOR		No semillas	PROGENITOR		No semillas	
♀	♂		♀	♂		
ASB-02	x NBA-06	24	AKN-07	x ASB-02	35	
	AKN-07	24				
	RKI-10	0				
	NKA-11	25				
NEK-03	x NBA-06	36	NBA-06	x NEK-03	40	
	AKN-07	0		AKN-07	16	
	RKI-10	38		RKI-10	44	
	NKA-11	38		NKA-11	48	
NKA-11	x ASB-02	0	RHC-05	x AKN-07	50	
	NEK-03	46		MSB-09	48	
	RHC-05	0		RKI-10	44	
	NBA-06	43				
	AKN-07	0				
	RKI-10	41				
RKI-10	x RHC-05	45	MSB-09	x RHC-05	31	
	MSB-09	42		RKI-10	16	

No semillas: Número de semillas promedio por cruces, ♀: Femenino, ♂: Masculino

En el Anexo 2.5 se muestra las semillas obtenidas, su secado y almacenamiento.

Discusión

En la Península de Yucatán (México), la producción de hortalizas y frutales es afectada por las temperaturas extremas del día y la noche, tanto en los ciclos de producción primavera-verano e invierno. Se han registrado temperaturas durante el día entre 39-43 °C, lo que repercute en un alto porcentaje de aborto de flores y poco cuajado de frutos. Las altas temperaturas producen serios daños a las plantas de chile, debido a la no viabilidad del polen, la formación de polen estéril y malformaciones en las anteras. Las temperaturas ideales para la germinación oscilan entre los 25 y 35 °C, germinando las semillas entre los ocho y nueve días; los límites térmicos para que se produzca una fructificación normal son de 30-32 °C en su tope máximo y de 10-12 °C en su valor mínimo. La humedad relativa óptima deberá estar entre 50 y 70 %. Humedades relativas muy elevadas favorecen el desarrollo de enfermedades aéreas y dificultan la fecundación. La coincidencia de altas temperaturas y baja humedad relativa, pueden ocasionar la caída de flores y de frutos recién cuajados (Garruña-Hernández *et al.*, 2014, Hernández y Laza, 2012).

Según López-Puc (2009), la perfecta conjunción del polen con los óvulos, ayuda a la correcta fecundación. Para que la fecundación se realice será preciso que los elementos masculino y femenino estén maduros cuando se reúnan y que el polen llegue al ovario sin deterioro alguno. Así, por ejemplo, si se moja no podrá ser adecuada la fecundación, dando lugar a la falta de unión entre el polen y el óvulo. El cuajado de los frutos, esencial para el rendimiento, es afectado por las altas temperaturas en diversas etapas. La fertilidad de los óvulos se reduce cuando las flores se exponen a 35°C y también la fertilidad y cantidad del polen. Además, la transferencia del polen se ve alterada ya que las flores sufren deformaciones que impiden su llegada al estigma. También la germinación del polen y el crecimiento del tubo polínico se ven muy negativamente afectados cuando las temperaturas son elevadas (Hernández y Laza, 2012, Garruña-Hernández *et al.*, 2012). Lo antes mencionado, se pudo evidenciar en este trabajo, pues debido a las altas temperaturas en el ciclo 1, encontramos malformaciones en las anteras, flores que no tenían polen, y el que había era poco o estaba húmedo, impidiendo el cuajado de los frutos.

El porcentaje de efectividad de cruzamiento de una especie de cultivo va a variar según manejo agronómico llevado a cabo durante su producción y el ciclo de cultivo en que se encuentre al momento óptimo para la colecta del polen y su viabilidad, así como del estadio de desarrollo del botón floral y la receptividad del estigma; factores estos primordiales para tener en cuenta para un buen cuaje del fruto (Peña-Yam, 2020; Garruña-Hernández *et al.*, 2012).

En este estudio lo que más influyó fue la época de siembra, donde en el ciclo 2 (agosto-febrero) se obtuvieron los mejores resultados en la efectividad del cruzamiento y cuajado de los frutos.

El conocimiento de la biología floral en chile habanero favorecería aumentar su producción logrando un mayor “cuaje” de fruto tanto en un cultivo comercial, así como en programas de mejoramiento genético por hibridación, al momento de realizar los cruzamientos (Hernández y Laza, 2012). Garruña-Hernández *et al.* (2012) indicaron que, en pimiento, no se ha hecho mucho esfuerzo en evaluar los aspectos de la biología, sin embargo, estos son útiles en estudios de germinación del polen y en programas de reproducción o almacenamiento de polen. Por su lado, Martins *et al.* (2015) reportan que se ha examinado la viabilidad del polen y compatibilidad cruzada entre varias especies de *Capsicum*. Sin embargo, existen pocos o escasos estudios sobre biología reproductiva en *C. chinense* (Peña-Yam *et al.*, 2019b). Estos últimos autores, recientemente reportaron los primeros resultados en chile habanero, donde previo a la antesis (botón floral), el estigma ya se encuentra receptivo, mientras que las anteras se encuentran aún cerradas, esta diferencia entre los tiempos de la receptividad del estigma y la apertura de las anteras, asegura que no ocurre la autofecundación y que este es el momento adecuado para realizar la polinización artificial (manual), en un programa de cruzamiento. Así mismo, relacionado con la viabilidad del polen, recomendaron usar polen fresco (el mismo día de su extracción), pues fue determinante para obtener mayor número de semillas por fruto en híbridos, objetivo fundamental en la producción de semilla híbrida. Otro aspecto importante en un cruzamiento es la posición del estigma (excerto), lo que permite inferir que es una especie eminentemente alógama, aunque está clasificada como autógama, o como se describe por algunos autores, es alógama facultativa. En nuestro trabajo, confirmamos esta clasificación y reafirmamos que son estos los factores a tener en cuenta para un exitoso proceso de cruzamiento, teniendo en cuenta también el ciclo de producción.

De manera general, en este experimento, se obtuvieron 69 combinaciones, donde 18 combinaciones provinieron del top cross y el resto, del biparental. El mejor ciclo de siembra fue el ciclo 2 (agosto-febrero) donde las temperaturas estuvieron por debajo de los 38⁰C, lo que permitió mejor cuaje de los frutos cruzados. Aunque los porcentajes de eficiencia de cruzamientos no fueron altos en ambos ciclos, el ciclo 2 fue el mejor y el de mayores volúmenes de semillas obtenidos. Ambos diseños genéticos cumplieron con las estrategias elaboradas ya que, para el top cross se pudo observar que el RNJ-04 fue el probador de mayor efectividad en ambos ciclos de siembra y con buena producción de semillas, esto servirá para los futuros análisis de determinación de pungencia, pues este probador es uno que sobrepasa los 1.5 millones de unidades de Scoville lo que permitirá seleccionar un híbrido para su empleo en la industria. Para el diseño Biparental, los resultados fueron mucho mejores, pues se lograron obtener cruzas de diferentes colores como rojas, naranjas y amarillas; esto servirá también para los futuros experimentos, donde se evaluarán y caracterizarán las cruzas para seleccionar el mejor híbrido en cuanto rendimiento y sus componentes, para su empleo como consumo fresco. Se pudo constatar que estos probadores deberán sembrarse un mes antes por su tardío crecimiento.

CAPÍTULO III. ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS ESTADÍSTICOS PARA LA SELECCIÓN DE PROGENITORES DE CHILE HABANERO (*Capsicum chinense* JACQ.) Y LA OBTENCIÓN DE HÍBRIDOS F₁.

Introducción

Para las diferentes condiciones agroclimáticas en México, existe una gran diversidad genética de chiles y pimientos; entre los cuales se destaca el chile habanero que es una de las especies más demandadas en el mercado, dentro de este género, y representa los chiles más picantes del mundo (Latournerie *et al.*, 2002). La caracterización morfológica de los recursos vegetales es una parte importante de la evaluación de su diversidad y conservación (López-Castilla, 2018).

El objetivo de un programa de fitomejoramiento es desarrollar nuevos cultivares con mejor rendimiento y calidad para su región objetivo y uso final (Peña-Yam, 2020). Para esto, la estimación de los parámetros genéticos de la población permite diseñar la mejor estrategia a seguir en programas de mejoramiento genético (Rovaris *et al.*, 2011). La base de la formación de híbridos comerciales son las líneas endogámicas con buena aptitud combinatoria; sin embargo, el éxito de la obtención de líneas depende del nivel de variabilidad genética presente en la población y de la frecuencia génica de alelos de interés (Vallejo *et al.*, 2013).

La diferenciación entre progenitores (variedades) está fundamentada en la selección de caracteres morfológicos. En el caso de chile se ha definido una lista de principales descriptores morfológicos para el género *Capsicum*, con el fin de generar información homogénea y compatible, además de hacer eficiente el manejo datos y del germoplasma (IPGRI, 1995). Dentro de estos caracteres se consideran atributos con respecto a las flores, semillas y frutos principalmente, así como caracteres a nivel de plántula y de planta. Sin embargo, el reconocimiento de los diferentes genotipos por medio de estas características puede resultar complicado, debido a que puede haber sobreposición u homogeneidad en algunos de los factores fenotípicos, compartidos por variedades distintas (Cruz-Neto *et al.*, 2016).

La gran diversidad genética, heredabilidad y avance genético de algunos caracteres de vital importancia en cultivos de interés, se han estudiado por diversos investigadores (Mishra *et al.*, 2015), excepto en *C. chinense* Jacq, en donde hay pocos estudios (Santana-Buzzy *et al.*, 2018). La alta heredabilidad junto con una alta ganancia genética, indican el papel del efecto aditivo de los genes para caracteres seleccionados, criterio que sirve de apoyo a la selección

en la hibridación en Chile (Arias-Martínez, 2019). Por otro lado, la estimación de la asociación entre caracteres es también de gran utilidad, debido a que permite estimar el efecto que tiene la selección en dos o más caracteres y realizar selección indirecta con base en un carácter de fácil medición. La causa principal de la correlación genética entre caracteres es la pleiotropía y una causa transitoria lo es el ligamiento génico, especialmente en poblaciones derivadas de líneas muy divergentes (Falconer y Mackay, 1996). Muchos investigadores han demostrado la alta variabilidad genética, heredabilidad y porcentaje de avance genético de muchos caracteres de importancia económica, lo que indican el papel de los efectos aditivos en los genes para caracteres seleccionados (Peña-Yam, 2020; Muñoz-Ramírez, 2020; Arias-Martínez, 2019).

El objetivo del presente trabajo fue determinar los parámetros genéticos-estadísticos, en diez progenitores de Chile habanero, con el propósito de incorporarlos en un programa de cruzamiento, para obtener híbridos con alto potencial productivo.

Materiales y Métodos

Ubicación del experimento: El experimento se llevó a cabo en el invernadero de la UBMP, ubicado en las áreas del CICY (SMN, 2017), de septiembre de 2020 a mayo del 2021.

Material Vegetal: Del germoplasma se seleccionaron diez variedades de Chile habanero como progenitores. La selección de variedades se basó en sus características agronómicas sobresalientes en evaluaciones realizadas en estudios previos y mostrada en las Tablas 2 y 2.1.

Manejo de los progenitores: El manejo fue el mismo que se procedió en el Capítulo II de este trabajo.

Evaluación de los progenitores: Como variables de respuesta se midieron el porcentaje de germinación (7, 10, 15 y 21 días después de germinadas); variables medidas a nivel de plántula como altura (APT), diámetro del tallo (DTPT) y número de hojas (NHPT): todas medidas en cinco plántulas para cada progenitor y bloque. Se midieron otras variables tanto cualitativas y cuantitativas (de planta y de fruto) referidas en la Tabla 5.1, descritas en la Guía de Descriptores del IPGRI (1995) y del SNICS (2015), para el género *Capsicum*.

Diseño experimental y Análisis de varianza: El experimento se realizó en un diseño de bloques al azar con cuatro repeticiones. De cada una de las cosechas realizadas se evaluaron un total de seis plantas, de cada progenitor. Con base en el diseño establecido, se realizó la

evaluación de los progenitores mediante el análisis de varianza y las medias se docimaron mediante la prueba de Rangos Múltiples de Tukey HSD ($p \leq 0.05$) de probabilidad de error estadístico, mediante el paquete estadístico StatGraphics Plus 5.0 (Plus, 1994).

Variabilidad, heredabilidad y avance genético: Se determinaron los siguientes parámetros genéticos: varianzas y coeficientes de variación (genotípica, fenotípica y ambiental), así como la heredabilidad en sentido estrecho (h^2), según la metodología reportada por Pistorale *et al.*, (2008):

Variabilidad:

$$\text{Varianza Genética } (\sigma^2 G) = MS_g - MS_e / r$$

$$\text{Varianza ambiental } (\sigma^2 E) = MS_e$$

$$\text{Varianza fenotípica } (\sigma^2 P) = \sigma^2 G + \sigma^2 E$$

Dónde: MS_g = cuadrados medios de los genotipos, MS_e = cuadrado medio del error experimental, r = número de repeticiones.

$$\text{Coeficiente de Variación Genotípico (CVG)} = \sqrt{\frac{\sigma^2 G \times 100}{\bar{x}}}$$

$$\text{Coeficiente de Variación Fenotípico (CVP)} = \sqrt{\frac{\sigma^2 P \times 100}{\bar{x}}}$$

$$\text{Coeficiente de Variación Ambiental (CVE)} = \sqrt{\frac{\sigma^2 E \times 100}{\bar{x}}}$$

Dónde: \bar{x} = Media de cada variable.

Heredabilidad

$$(h^2) \text{ en sentido estrecho} = \sigma^2 G / \sigma^2 P \quad \text{Dónde: } \sigma^2 P = \sigma^2 G + \sigma^2 E$$

Avance Genético y Avance genético como porcentaje de la media

El avance genético (GA) y el avance genético como porcentaje de la media (% GA) se estimaron de acuerdo con Acquah (2009).

$AG = ih^2 \sigma$ Dónde: i : Intensidad de selección (50 %), h^2 : Heredabilidad y σ : Variación fenotípica.

% GA de la media = $(GA / \bar{x}) \times 100$ Dónde: \bar{x} es me media de cada variable

Correlaciones entre variables: La asociación entre las variables se determinó mediante las correlaciones de Pearson, empleando el programa estadístico de IBM SPSS Statistics versión 22 (IBM Corp. Release, 2013).

Análisis de componentes principales: Los valores promedio de los datos de las variables evaluadas se cometiron a un análisis de componentes principales (ACP) y un análisis de conglomerados jerárquicos, utilizando como índice de disimilitud el algoritmo de distancia y ligadura euclidiana UPGMA, para lo cual se utilizó el paquete estadístico IBM SPSS Statistics versión 22 (IBM Corp. Release, 2013).

Resultados

El análisis de varianza (ANOVA) (Tabla 3), reveló diferencias altamente significativas ($p \leq 0.05$) entre los diez genotipos, para todas las variables cuantitativas empleadas, lo que indica la existencia de variabilidad entre los progenitores. Los valores de los cuadrados medios más altos correspondieron a las variables CC (9035.01) y NFT (15571,8*) siendo la variable de GP (0.82711*) la de menor valor. Con respecto al coeficiente de variación (CV) el rango estuvo entre 15.71 a 87.57%, donde los valores más altos correspondieron a las variables NFT (51.81%), RTO (62.18%) y CC (87.57%); mientras que el valor más bajo fue para el GP con 15.71%.

Tabla 3. Análisis de varianza de las variables cuantitativas de la planta y del fruto en diez progenitores de chile habanero (*C. chinense*).

Variables	PROGENITORES				
	CM	X	EE	DS	CV %
LF (cm)	3.34469*	4.10	0.0934	0.8937	21.81
DF (cm)	1.28111*	3.15	0.0889	0.5656	17.96
GP (mm)	0.82711*	3.00	0.0997	0.4706	15.71
NFT	15571.8*	116.43	0.8354	60.3222	51.81
PPF (g)	19.6*	10.45	0.3593	2.2182	21.23
RTO (Kg/Pta)	2.81338*	1.31	0.0578	0.8121	62.18
CC (mg/g de PS)	9035.01*	52.15	0.3542	45.66	87.57

* Diferencia significativa ($p \leq 0.05$), CM: Cuadrados Medios, EE: Error estándar, X: media de los caracteres, DS: Desviación Estándar, CV: coeficiente de variación, LF: Longitud del Fruto, DF: Diámetro del Fruto, GP: Grosor del pericarpio, PPF: Peso promedio del fruto, NFP: Número de frutos por plantas, RTO: rendimiento, CC: Contenido de capsaicina.

Para las variables germinación y vigor de las plántulas, el (ANOVA) (Tabla 3.1), reveló diferencias altamente significativas para $p \leq 0.05$, entre los diez genotipos evaluados. La germinación de los progenitores estuvo por encima del 85%. El mayor porcentaje de germinación lo alcanzó el progenitor P24 con 99%. Para el análisis del vigor de las plántulas de chile, se tomaron en cuenta la altura, diámetro y número de hojas, las cuales favorecerán a obtener una plántula adecuada para el trasplante. Los progenitores P26 y P30 alcanzaron los mejores valores para estas variables.

Tabla 3.1. Porcentaje de germinación y vigor de las plántulas de los progenitores de *Capsicum chinense* Jacq.

Progenitores	Germinación %	Plántulas		
		Altura (cm)	Diámetro del tallo (mm)	Número hojas
P24	99.0 a	12.25 a-d	3.91 a-b	8.0 d
P25	95.91 b	12.32 a-c	3.85 a-b	8.0 d
P26	95.91 b	12.76 a	3.81 a-c	9.6 a-b
P27	95.91 b	10.32 d-e	3.60 d	8.4 c-d
P28	95.91 b	10.9 b-e	3.77 b-c	9.6 a-b
P29	85.91 e	12.48 a-b	3.91 a-b	10.0 a
P30	85.91 e	12.70 a-b	3.95 a	10.0 a
P31	85.91 e	12.16 a-e	3.90 a-c	8.4 c-d
P32	95.91 b	10.58 c-e	3.82 a-c	8.0 d
P33	95.91 b	9.5 e	3.75 c	8.0 d
EE	0.4632	0.3847	0.0314	0.2630

Comparación de medias Tukey, letras diferentes difieren para $p \leq 0.05$, P: Progenitores, EE: Error estándar.

Con respecto al comportamiento fenológico de los progenitores (Tabla 3.2), se observaron diferencias significativas entre ellos. Los progenitores de color naranja (P25, P28 y P33) y los progenitores de color rojo (P27 y P29), fueron los más precoces en las tres variables analizadas.

Tabla 3.2. Evaluaciones fenológicas realizadas a los progenitores de chile habanero (*C. chinense*).

Progenitores	Inicio floración	Inicio fructificación	Inicio cosecha
	DDT	DDT	DDT
P24	44.0 b	75.0 b	85.0 b
P25	33.75 a	65.0 a-b	75.0 a-b
P26	44.0 b	75.0 b	85.0 b
P27	38.75 a-b	60.50 a	70.0 a
P28	32.75 a	65.25 a-b	75.0 a-b
P29	38.75 b	60.25 a	70.0 a
P30	43.75 b	75.0 b	85.0 b
P31	44.0 b	75.0 b	85.0 b
P32	38.75 a-b	60. 25 a	69.5 a
P33	32.75 a	65.0 a-b	75.0 a-b
EE	0.4133	0.4208	0.3979

Comparación de medias Tukey, letras diferentes difieren para $p \leq 0.05$.; DDT: Días Después del Trasplante, P: Progenitores. EE: Error estándar.

La evaluación cuantitativa a nivel de planta (Tabla 3.3), reflejó diferencias significativas en todas las variables medidas. Se destaca el progenitor P30 el cual obtuvo los mejores resultados en todas las variables analizadas.

Tabla 3.3. Evaluación cuantitativa a nivel de planta en los progenitores de chile habanero (*C. chinense*).

Progenitores	Planta			Hoja	
	AP (cm)	LT (cm)	DT (mm)	LLH (cm)	ALH (cm)
P24	99.95 a-c	65.75 b-c	14.25 a	14.5 c-e	8.97 b
P25	99.82 a-c	54.75 d-e	9.5 c	14.77 c-d	8.9 b
P26	130.8 a-b	57.2 d-e	10.75 b-c	12.1 g	6.47 d
P27	129.17 a-b	53.25 e	10.5 b-c	16.17 b	8.10 b-c
P28	85.12 c	71.52 b	10.0 b-c	14.2 d-f	7.45 c
P29	101.92 a-c	60.82 c-d	12.25 a-b	13.25 f	8.37 b
P30	134.97 a	80.6 a	13.75 a	17.55 a	11.22 a
P31	101.1 a-c	56.8 d-e	13.25 a	15.42 b-c	10.57 a
P32	122.94 a-b	64.35 c	10.5 d-j	15.37 b-c	8.15 b-c
P33	98.66 b-c	57.35 d-e	9.25 c	13.55 e-f	7.47 c
EE	0.3734	0.4291	0.4787	0.2355	0.1863

Los promedios dentro de cada columna seguidos por la misma letra no son significativamente diferentes entre sí en función del nivel de probabilidad $p < 0.05$ para Tukey; AP: Altura de la planta, LT: Longitud del tallo, DT: Diámetro del tallo, LLH: Longitud del limbo de la hoja, DLH: Diámetro del limbo de la hoja. P: Progenitores. EE: Error estándar.

En el análisis de medias, se pudo observar que existen diferencias significativas entre los diez progenitores, para las diferentes variables cuantitativas del fruto evaluadas (Tabla 3.4). Para la variable LF, el progenitor RNJ-04 alcanzó el mejor valor con 5.70 cm. El progenitor de color amarillo ASB-02 y el progenitor de color morado MSB-09, presentan los mejores resultados para DF (4.05 y 3.60 cm) y para GP (3.50 y 3.07 mm) respectivamente, sin diferir uno de otro. Para las variables NFP y RTO, los genotipos NEK-03, RKI-10 y NKA-11 manifestaron diferencias significativamente con respecto al resto, destacándose sus valores para su rendimiento de 2.54, 2.41 y 2.24 Kg/Pta, respectivamente. Los progenitores RES-08 y RNJ-04 poseen los valores más altos de capsaicina con 147.12 y 120.38 mg/g de PS, respectivamente. Los valores en SHU se pueden consultar en la Tabla 3.4, donde estos dos progenitores de mayor CC, sobrepasan el millón de unidades de picor de Scoville. El mejor comportamiento lo obtuvieron las variables GP y PPF, donde seis de los progenitores sobrepasan los 3.02 mm de espesor del fruto y los 11 g de peso promedio.

Tabla 3.4. Evaluación cuantitativa del fruto en los diez progenitores de chile habanero (*C. chinense*) estudiados.

Genotipos	LF	DF	GP	NFT	PPF	RTO	CC	SHU
P24	3.25 d	4.05 a	3.50 a	68.75 e-f	9.25 c	0.635 d	23.82 f	383,439.00
P25	4.50 c	2.77 c-d	3.02 a-b	199.50 a	11.25 a-b	2.244 a-b	84.61 c	626,920.00
P26	5.70 a	2.35 d	2.77 b	51.00 f-g	6.25 d	0.318 e	120.38 b	1,938,089.00
P27	4.20 c	3.47 b	3.10 a-b	107.50 b-c	12.25 a	1.314 c	15.71 h	252,978.59
P28	4.42 c	3.10 b-c	3.37 a-b	121.50 b	11.00 a-b	1.337 c	28.95 d	466,076.00
P29	3.17 d	3.47 b	3.02 a-b	93.00 c-d	12.50 a	1.161 c	26.52 e	426,973.00
P30	3.20 d	3.12 b-c	2.77 b	44.50 g	7.50 d	0.335 e	147.12 a	2,368,535.00
P31	2.97 d	3.60 a-b	3.07 a-b	77.50 d-c	9.75 b-c	0.756 d	21.60 g	348,161.00
P32	5.02 b	3.40 b	2.07 c	207.75 a	12.25 a	2.540 a	23.69 f	859,457.00
P33	4.52 c	2.40 d	3.57 a	197.50 a	12.50 a	2.417 a-b	29.09 d	468,269.82

* Las medias dentro de una columna seguida de la misma letra no son significativamente diferentes a $p \leq 0.05$, según la prueba de rango múltiples de Tukey. LF: Longitud del Fruto (cm), DF: Diámetro del Fruto (mm), GP: grosor del pericarpio (mm), NFT: Número de frutos por panta, PPF: Peso promedio del fruto (g), RTO: rendimiento (Kg/Pta), CC: Contenido de capsaicina (mg/g de PS), SHU: Unidades de picor de Scoville, P: Progenitores.

Variabilidad, heredabilidad y avance genético.

En la Tabla 3.5, se muestran los resultados del análisis de variabilidad, en términos de rango, promedio general, varianzas (genéticas, fenotípicas y ambientales); coeficientes de variación: genotípico (GCV), fenotípico (PCV) y ambiental (ECV); heredabilidad en un sentido estrecho (h^2), avance genético (GA) y avance genético como porcentaje de la media. De manera general, se observó un rango máximo de variación para la variable NFT (183.0), seguido por el CC (133.26), respectivamente. Las variables con rangos de variación más bajos se registraron para LF (3.10 cm), DF (2.10 cm) y GP (1.70 mm). Las estimaciones del porcentaje del CVG y del CVP fueron mayores para el NFT (9.86 y 10.94 %), RTO (9.82 y 9.42 %) y para el CC (24.65 y 25.67 %, respectivamente).

En caso de la heredabilidad en sentido estrecho, para las variables LF (0.95), NFT (0.85), PPF (0.90), RTO (0.95) y CC (0.94) los valores fueron altos, lo que nos indica que es heredable, ya que hay mayor influencia de efectos aditivos. También se observó que para las variables NFT, RTO y CC, un alto avance genético como porcentaje de la media. Los altos valores de GCV, h^2 y %GA obtenidos para el NFT, RTO y CC en nuestro estudio, sugieren que estas variables son necesarias evaluarlas dentro de un programa de mejoramiento genético en chile habanero.

Tabla 3.5. Estudio de los parámetros genéticos en las siete variables cuantitativas de fruto en diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Caracteres	X	Rango	Varianza			Coeficiente de Varianza			h ² %	Avance Genético	
			Gen.	Fen	Amb	CVG%	CVF%	CVA%		AG	AGX%
LF (cm)	4.10	3.10	0.83	0.86	0.03	4.49	4.58	0.92	0.95	0.41	10.0
DF (cm)	3.18	2.10	0.28	0.33	0.05	2.96	3.23	1.31	0.83	0.12	3.77
GP (mm)	3.03	1.70	0.17	0.23	0.06	2.37	2.78	1.44	0.73	0.08	2.80
NFP	116.43	183.0	298.27	318.29	35.01	9.86	10.94	5.51	0.85	451.18	247.36
PPF (g)	10.45	7.00	4.77	5.28	0.51	6.75	7.11	1.22	0.90	2.38	22.87
RTO (Kg/Pta)	1.31	2.40	1.28	1.36	0.07	9.82	9.48	2.22	0.95	63.04	42.38
CC (mg/g de PS)	52.15	133.26	175.67	187.45	6.89	24.65	25.67	2.78	0.94	321.45	806.57

CVG: coeficiente de variación genotípica, CVF: coeficiente de variación fenotípica, CVA: coeficiente de variación ambiental, h²: heredabilidad en sentido estrecho, AG: avance genético, % GA media: avance genético como porcentaje de la media, LF: Longitud del Fruto, DF: Diámetro del Fruto, GP: Grosor del pericarpio, NFP: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto, RTO: Rendimiento, CC: Contenido de capsaicina.

Análisis de correlaciones de las variables cuantitativas en los progenitores

La dirección y magnitud de la asociación fenotípica de las diferentes variables analizadas (Tabla 3.6), indican que el RTO presenta una correlación alta y positiva con el PPF ($r=0.789^{**}$) y NFP ($r=0.992^{**}$) para $p \leq 0.01$, lo que muestra que los progenitores con alto número de frutos y peso promedio del fruto (NEK-03, RKI-10 y NKA-11), presentan altos rendimientos. Para la variable NFP hay un comportamiento similar, pues se correlaciona positivamente con el PPF ($r=0.723^{**}$) para $p \leq 0.01$, donde estos mismos progenitores, son los que presentan mayor número de frutos, por lo que tendrán mayor peso promedio. Además, el DF presentó una correlación alta y negativa inversamente proporcional con el LF ($r=-0.676^*$) para $p \leq 0.05$, lo que se expresa que a medida que aumenta una, la otra disminuye. Esto corrobora que los progenitores de mayor DF (ASB-02 y MSB-09), son los de menor largo del fruto. Así mismo, el CC presentó también una correlación alta y negativa inversamente proporcional con el PPF ($r=-0.755^*$) para $p \leq 0.05$, lo que indica que los progenitores de mayor capsaicina son los de menor peso del fruto y viceversa.

Tabla 3.6. Correlación fenotípica entre las siete variables cuantitativas del fruto en los diez progenitores de chile habanero (*C. chinense*) empleados.

Caracteres	Correlaciones						
	LF	DF	GP	PPF	NFT	RTO	CC
LF	1	<u>-0.676*</u>	-0.404	-0.050	0.424	0.380	0.181
DF		1	0.084	0.149	-0.327	-0.280	-0.516
GP			1	0.207	-0.068	-0.047	-0.348
PPF				1	0.723**	<u>0.789**</u>	<u>-0.755*</u>
NFT					1	<u>0.992**</u>	-0.0361
RTO						1	-0.422
CC							1

* La correlación es significativa al nivel 0,05 (unilateral), ** La correlación es significativa al nivel 0,01 (unilateral), LF: Longitud del Fruto (cm), DF: Diámetro del Fruto (cm), GP: Grosor del pericarpio (mm), NFP: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto (g), RTO: rendimiento (Kg/Pta), CC: Contenido de capsaicina (mg/g PS).

Análisis de componentes principales (ACP) en los progenitores

Los resultados del análisis de componentes principales (Tabla 3.7; Figura 3) mostró que las primeras tres componentes (C1, C2 y C3) extrajeron el 91.14 % de la variación total. La primera componente (C1) con 44.65 % de la variación, estuvo determinada principalmente por las variables NFP, PPF y RTO; la segunda componente (C2) extrajo el 78.08 %, determinada por las variables LF, DF y CC; y la tercera componente (C3) por la variable GP, la cual extrajo el 91.14% de la variación total detectada. La Figura 3, mostró la distribución espacial de los genotipos y las variables, en las dos primeras componentes (C1 y C2). En el cuadrante I se ubicó el carácter de LF, NFP y el RTO, donde los genotipos P25, P10 y P11 son los que se agrupan por tener mayor NFP y RTO, un LF aceptado. En el cuadrante II, se ubicaron los genotipos de mayor CC, que fueron P30 y P26. Para el cuadrante III se ubicó la variable DF, con los genotipos de mejor comportamiento (P24 y P29, respectivamente). Las variables GP y PPF se colocaron en el cuadrante IV, donde los genotipos P25, P10 y P11, presentaron los valores más altos.

Tabla 3.7 Análisis de componentes principales en las siete variables cuantitativas del fruto evaluadas en diez progenitores de chile habanero (*C. chinense*).

	C1	C2	C3
Valores propios	3.12	2.34	0.91
% Individual	44.65	33.43	13.05
% Acumulado	44.65	78.08	91.14
Vectores propios			
LF	0.329	0.814	-0.036
DF	-0.165	-0.838	-0.476
GP	0.065	-0.549	0.822
PPF	0.884	-0.372	-0.038
NFT	0.945	0.227	-0.004
RTO	0.969	0.161	-0.018
CC	-0.609	0.675	0.106

C1, C2, C3: Componentes Principales, LF: Longitud del Fruto (cm), DF: Diámetro del Fruto (cm), GP: Grosor del Pericarpio (mm), NFT: Número de Frutos Totales, PPF: peso promedio del fruto (g), RTO: Rendimiento (Kg/Pta), CC: Contenido de capsaicina (mg/g de PS).

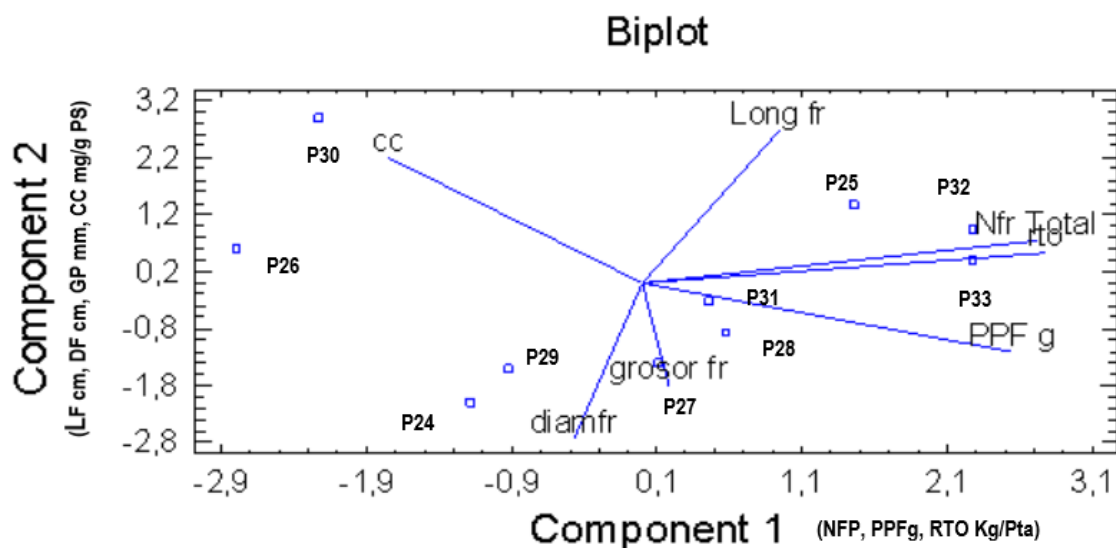


Figura 3. Análisis de componentes principales de diez progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) en base a las siete variables cuantitativas del fruto evaluadas, representado en dos componentes (C1: 44.65 %, C2: 33.43 %). LF: Longitud del fruto (cm), DF: Diámetro del fruto (cm), EF: Espesor del pericarpio (mm), NFP: Número de frutos por plantas, PPF: Peso promedio del fruto (g), RTO: Rendimiento (Kg/Pta), CC: Contenido de capsaicina mg/g PS. Cuadrantes: I, II, III y IV.

Análisis de conglomerados en los progenitores

El dendrograma de distancia genética utilizando los datos de ACP utilizando el criterio de Ward para determinar la similitud jerárquica entre los progenitores, mostró el agrupamiento de dos grupos (A y B) al presentar características similares entre ellos; tres progenitores P32 (RKI-10), P30 (RES-08) y P26 (RNJ-04) se presentaron como individuos no agrupados (C, D y E) (Figura 3.1). Los dos grupos están conformados por los siguientes genotipos: A: P24 (ASB-02), P31(MSB-09), P27 (RHC-05), P28 (NBA-06) y P29 (AKN-07), y B: P25 (NEK-03) y P33 (NKA-11).

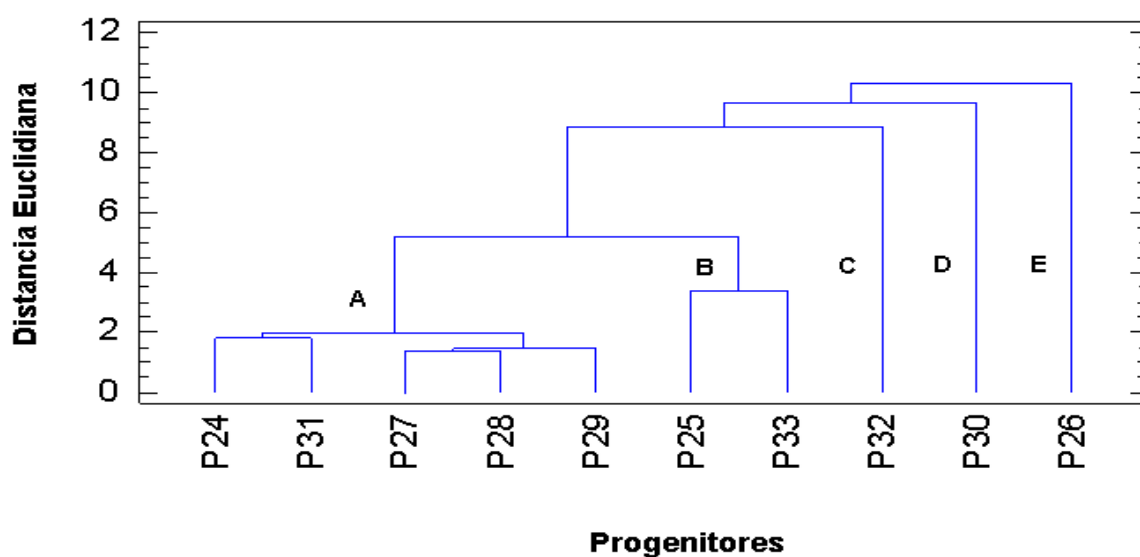


Figura 3.1. Dendrograma según UPGMA utilizando el coeficiente de distancia euclidiana para representar el agrupamiento entre los diez progenitores de chile habanero (*C. chinense*). Grupos: A y B; Individuos no agrupados: C, D y E.

En la Tabla 3.8 se mostraron los valores promedio para las diferentes variables evaluadas, por el análisis de conglomerados. Los progenitores del grupo A, presentaron los valores promedio más altos para el carácter DF (3.53 cm), aunque se destacan por tener buen PPF (10.95 g) y RTO (1.03 kg/Pta). El grupo B progenitores con frutos naranja, se caracterizó por tener el más alto valor de GP (3.29 mm), y valores altos en variables como NFP (198.5), PPF (11.97) y RTO de 2.32 Kg/Pta, respectivamente. El progenitor P32 (C) alcanzó el mayor valor en el rendimiento y sus componentes con NFT (207.75), PPF (12.25 g) y RTO (2.54 Kg/Pta), respectivamente. Individualmente se presentaron los dos progenitores de mayor CC con 147.12 (D) y 120.28 (E) mg/g de PS.

Tabla 3.8. Comparación de los grupos (A y B) más los individuos no agrupados (D, E, F) revelados por el análisis de conglomerados utilizando los respectivos promedios de las siete variables cuantitativas del fruto evaluadas para la diferenciación genética de los diez progenitores de *C. chinense* empleados.

GRUPOS	LF (cm)	DF (cm)	GP (mm)	NFT	PPF (g)	RTO (Kg/Pta)	CC (mg/g PS)
A	3.60	3.53	3.21	75.65	10.95	1.03	23.32
B	4.51	2.58	3.29	198.5	11.97	2.32	56.80
C	5.02	3.40	2.07	207.75	12.25	2.54	23.69
D	3.20	3.12	2.77	44.50	7.50	0.33	147.14
E	5.70	2.35	2.77	51.00	6.25	0.32	120.38

LF: Longitud del Fruto, DF: Diámetro del Fruto, GP: Grosor del pericarpio, NFT: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto, RTO: rendimiento, CC: Contenido de capsaicina.

Discusión

La explotación de la varianza de rasgos con interés agrícola, es fundamental para el desarrollo de programas que apunten a obtener variedades e híbridos con alta productividad y/o que porten otros rasgos y atributos importantes (Bozokalfa *et al.*, 2009). En nuestro estudio, el análisis de varianza (ANOVA) reveló diferencias significativas entre los diez genotipos para los caracteres estudiados. La variación entre los caracteres de crecimiento estudiados, puede deberse a diferencias en sus constituciones genéticas; este hallazgo está en conformidad con lo reportado por Usman *et al.* (2014). Autores como Mishra *et al.* (2015) y Verdugo *et al.* (2008) reportaron resultados similares, donde los cuadrados medios para cada uno de los caracteres fueron significativos, destacándose las componentes del rendimiento. A su vez, Peña-Yam *et al.* (2019a) en su estudio de genotipos de chile habanero, encontraron diferencias significativas para las distintas variables estadísticas analizadas como cuadrados medios, error estándar y coeficiente de variación.

Los altos coeficientes de variación observados por Martínez-Zambrano (2005) en Chile Serrano, se consideran propios de la naturaleza de los caracteres estudiados, ya que al momento del corte se encuentran frutos en diferentes estados de desarrollo. Resultados similares se han descrito en *Cúrcuma longa* y en *Capsicum annum* (Mishra *et al.*, 2015; Thul *et al.*, 2009); así mismo Peña-Yam *et al.* (2019a) también mostraron en sus resultados un amplio rango de variación (14.08 % a 94.50 %) para los caracteres evaluados.

La estimación del coeficiente de variación (CV), nos permitió inferir que los progenitores evaluados en nuestro trabajo son adecuados para obtener avances sustanciales en los procesos de selección, siendo las variables de contenido de capsaicina, seguido por el número de frutos por planta y el rendimiento las de más altos valores.

Los estudios de caracterización proporcionan información esencial para la conservación y uso de germoplasma en programas de fitomejoramiento (Carvahlo *et al.*, 2017). Las evaluaciones realizadas en nuestro experimento basadas en los descriptores del IPGRI, aportaron una valiosa información en el proceso de selección de los progenitores.

Costa *et al.* (2009) evaluaron la compatibilidad de cruces entre *C. chinense* y *C. annuum* para la germinación de semillas de híbridos interespecíficos reflejando en todos los cruzamientos un porcentaje de germinación entre 8.9 y 40 %. En este mismo sentido, Peña-Yam (2020) en un estudio de cruzamientos intraespecíficos entre *C. chinense*, resaltaron que el porcentaje de “cuaje” de fruto fue más alto que en el trabajo de Costa *et al.* (2009), con valores por encima del 65-100%, por lo que concluye que se obtienen más frutos en cruzamientos dentro la misma especie, sean o no, líneas puras. Así mismo, Kivadasannavar *et al.* (2009) determinaron un 88.20 % de germinación en semillas híbridas de chile híbrido HCH-9646 de *C. annuum*. En nuestro experimento, se pudo observar que las variedades que fueron empleadas como progenitores presentaron una germinación por encima del 85 %, considerado satisfactorio en la época en que se ensayaron y es que garantizará el ciclo de toda una cosecha.

La mayor uniformidad vegetativa de las plantas se alcanza en su fase de plántula permitiendo que las mismas superen la crisis del trasplante. El estado de plántulas ofrece mayor precocidad y uniformidad de la producción, así como facilita al proceso de extracción y manipulación, se logra un mayor número de plántulas por superficie (m²) y por año, propicia mayores rendimientos por superficie y facilita la selección y agrupación de las plántulas por tamaños (Casanova *et al.*, 2019; Villa-Castorena *et al.*, 2014). Para el caso de hortalizas como el chile habanero (Castillo-Aguilar *et al.*, 2015) las plántulas estarán listas para trasplante entre los 30 a 45 días posteriores a su emergencia del sustrato, cuando tengan de 3 a 4 hojas verdaderas y un tamaño de entre 12 y 15 cm, desde la base del tallo al punto de unión de las hojas superiores y con buen desarrollo del tallo (2.5 a 3 cm). En este sentido, las plántulas obtenidas en el experimento cumplieron con estas dimensiones, por lo que estuvieron aptas para el trasplante al invernadero con un buen vigor híbrido, manifestándose su buen estado morfológico.

Con respecto al desarrollo fenológico, crecimiento y desarrollo de las plantas dependen de procesos fisiológicos y de factores ambientales para lograr una buena producción (Villa-Castorena *et al.*, 2014). Martínez-Martínez *et al.* (2014) por su parte, determinaron diferencias para días a floración y fructificación en progenitores de tomate, lo cual permitió manejar futuras plantaciones para tener una producción constante en campo. Así mismo Peña-Yam (2020) en chile habanero, reportó que la primera cosecha se realizó una semana después del registro de los días a fructificación, donde siete progenitores de los 12 evaluados fueron más precoces. Esto se pudo evidenciar en este estudio, donde cinco de los 10 progenitores utilizados, presentaron los mejores valores de precocidad, lo que favorecerá su siembra escalonada en campo por su carácter prematuro en estas etapas de desarrollo del cultivo.

El rendimiento y sus componentes, son los rasgos más importantes considerados por la mayoría de los mejoradores (Ridzuan *et al.*, 2018). En este trabajo los progenitores P25 (NEK-03), P32 (RKI-10) y P33 (NKA-11) fueron significativamente superiores a los demás progenitores evaluados, para los caracteres de NFP, PPF y RTO. Resultados similares fueron reportados para poblaciones de *Capsicum annuum* por Verdugo *et al.* (2008) y en chile habanero por Latournerie *et al.* (2015). En el caso de la pungencia del chile habanero, ésta se clasifica entre 150 000 y 350 000 unidades de Scoville (SHU) (Fabela-Morón *et al.*, 2020); sin embargo, las variedades nativas del sureste de México se consideran entre las más picosas del mundo, con una pungencia que oscila entre 145 950 y 892 719 SHU (Canto-Flick *et al.*, 2008), probablemente debido a las condiciones edafoclimáticas de la región.

Los datos de las medias de los descriptores cuantitativos, indicaron algunos genotipos con potencial para su uso en diversos sectores de producción, como en la elaboración de salsas, alimentos enlatados y crudos, así como para la obtención de extractos para la industria y su incursión en Programas de Mejora del género *Capsicum*. En cuanto al contenido de capsaicina, dos genotipos fueron seleccionados por sus altos valores, sobrepasando las 900 000 SHU. Por lo que podemos considerar a estos progenitores con potencial para el programa de mejoramiento, con fines de uso en la industria para la extracción de capsaicina.

Las estimaciones de la variación fenotípica, la variación genética, el coeficiente de variación genética y la heredabilidad permite determinar la importancia relativa de la variabilidad genética de los caracteres (Bharath *et al.*, 2013). Autores como Bijalwan y Madhvi (2013), registraron un aumento de CVG y CVF en el rendimiento y número de frutos de 23 genotipos de pimiento morrón, indicando que este rasgo tenía una variabilidad genética más amplia y una mejor respuesta a la selección. Según estos autores, cuanto mayor sea la diferencia de valor entre CVG y CVF, más influencia tendrán los efectos ambientales sobre los genotipos.

Las estimaciones del CVG y CVF en nuestro trabajo, fueron mayores para NFP (9.86 y 10.94 %), RTO (9.82 y 9.42 %) y para el CC (24.65 y 25.67 %, respectivamente). Similares resultados obtuvieron Peña-Yam *et al.* (2019a) en las estimaciones del CVG para CC (29.45 y 30.40 %) y CVF para NFP (8.53 y 9.25 %), respectivamente. Por su lado, Ridzuan *et al.* (2018) también reportaron valores altos de CVG y CVF (49.71 y 66.04 %), para el número de frutos por planta. Choudhary y Samadia (2004) informaron, un alto coeficiente de variaciones fenotípicas y genotípicas para el rendimiento de frutos rojos maduros por planta (44.20 y 42.91 %, respectivamente), seguido del rendimiento de frutos verdes por planta, peso de semillas por fruto, peso del fruto y número de frutos por planta.

Cuando se habla de la heredabilidad se refiere a la parte de las diferencias que, para ese carácter en una población, es debida a la herencia (Bharath *et al.*, 2013). Nuestros resultados mostraron altos valores para las variables LF, NFP, PPF, RTO y CC, por lo que estos caracteres pueden ser parte de un programa de mejora. Resultados similares fueron hallados por autores como Usman *et al.* (2014) en su estudio de heredabilidad y avance genético entre genotipos de ají para tolerancia al calor, Berhanu *et al.* (2011) en genotipos de chile picante (*C. annuum*) en algunos caracteres de rendimiento como número de frutos por planta, longitud de los frutos y rendimiento de frutos por planta, y Peña-Yam *et al.* (2019a) en chile habanero para las variables YP (0.98), CC (0.93), FW (0.91) and NFP (0.85). Por su lado, Do Rêgo *et al.* (2011) obtuvieron valores altos para h^2 del 97.3 % para peso promedio del fruto, en frutos de *C. baccatum* var. péndulo. Se ha reportado una alta heredabilidad y un alto avance genético para diferentes caracteres en diferentes especies (*Jatropha curcas* L., *Cicer arietinum* L., *Curcuma longa* L.) (Mishra *et al.*, 2015; Tripathi *et al.*, 2013; 2012).

Según Bijalwan y Madhvi (2013), valores altos de CVG, heredabilidad y AG, brinda una alta posibilidad de mejora genética por medio de la selección ya que las diferencias en los valores fenotípicos son mayormente debidas a los genes que los individuos poseen, y por lo tanto serán en gran parte transmitidos a su progenie, lo que indica que las magnitudes de heredabilidad están menos influenciadas por el medio ambiente. Por el contrario, los valores bajos de heredabilidad y el AG, indican que las variaciones debidas a la acción aditiva de los genes son probablemente pequeñas donde la diferencia obtenida en los valores fenotípicos se debe al ambiente donde se desarrollan, entonces esos efectos no son transmitidos a la progenie; por lo tanto, es importante seleccionar aquellas características con mayor CVG, heredabilidad y AG. La selección efectiva se logra solo cuando los efectos aditivos son suficientemente mayores que el efecto ambiental. Esto se pudo corroborar en nuestros resultados al encontrar valores altos para las variables analizadas.

Al analizar los resultados del cálculo de la correlación en nuestro trabajo, se observaron que las correlaciones fueron altas para el rendimiento y sus componentes (NFP y PPF); entre NFP y el PPF, y entre CC y PPF. Resultados similares fueron encontrados en Chile habanero por diferentes autores como es el caso del trabajo por Sieczko *et al.* (2015) donde encontraron una correlación positiva (0.42) entre el tamaño del fruto y la capacidad de rendimiento; así como Peña-Yam *et al.* (2019a), reportaron para el carácter rendimiento una alta correlación positiva con el grosor del fruto ($r=0.770^{**}$), ancho del fruto ($r=0.519^{**}$), peso del fruto ($r=0.558^{**}$) y número de fruto ($r=0.503^{**}$). Estos valores de correlación correspondieron a los genotipos con mayor rendimiento, lo que coincide con lo observado en este experimento. Como resultado de este estudio, el análisis de componentes principales ACP y de conglomerados, se encontró que los genotipos estudiados son genéticamente divergentes. Estos resultados coinciden con Peña-Yam *et al.* (2019a) y Muñoz-Ramírez (2020), ambos en Chile habanero donde obtuvieron un 94.02 % de la variación total en tres componentes con seis grupos formados. Por su parte, Castañón-Nájera *et al.* (2008) encontraron una diversidad genética considerable al analizar por ACP y análisis de conglomerados, la variación de caracteres relacionados con el rendimiento en genotipos de *Capsicum* spp.

El grado de diversidad existente entre los genotipos, es un aspecto crucial en la selección de un padre deseable (Monge-Pérez *et al.*, 2014). En este sentido, Ridzuan *et al.* (2018) realizaron un estudio de 14 genotipos de Chile que se agruparon exitosamente en ocho grupos principales basados en sus rasgos cuantitativos para diferenciar los genotipos dentro de la población. También Geleta *et al.* (2005) informaron un agrupamiento de 39 genotipos basados en características morfológicas, específicamente en el tamaño del fruto y los genotipos se agruparon en ocho grupos. Según Bianchi *et al.* (2016) la caracterización morfo-agronómica de diferentes accesiones de *Capsicum* fue eficiente en la estimación de la variabilidad genética, se evidenciaron gran divergencia, siendo esta una herramienta importante para la mejora.

La variabilidad genética se ha estudiado mucho y se han estimado diferentes parámetros genéticos en otras especies (Mishra *et al.*, 2015; Mehmood *et al.*, 2014; Tripathi *et al.*, 2013), pero no en *C. chinense* en donde hay escasos programas de mejoramiento genético realizado en este cultivo (Santana-Buzzy *et al.*, 2018).

Los altos valores de variación fenotípica y genética, de heredabilidad y avance genético obtenidos para todas las variables evaluadas, confirmaron la gran variabilidad existente entre los progenitores de chile habanero estudiados. Por que se recomendaron los progenitores del grupo B, y los progenitores P32 (RKI-10), P30 (RES-08) y P26 (RNJ-04) para ser parte del programa de mejora.

CAPÍTULO IV. COMBINING ABILITY, HETEROSIS AND HETEROBELTIOSIS TO SELECT HIGHLY PRODUCTIVE F₁ HYBRIDS OF HABANERO PEPPER (*Capsicum chinense* Jacq.).

Rodríguez-Llanes, Yaritza¹, Daisy Pérez-Brito¹, Adolfo Guzmán-Antonio¹, Javier O. Mijangos-Cortés¹, Lourdes G. Iglesias-Andreu², Adriana Canto- Flick¹, Susana A. Avilés-Viñas¹, Gema Pijeira-Fernández¹ and Nancy Santana-Buzzy^{1*}.

1 Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY), Calle 43 No. 130, Chuburná de Hidalgo, CP 97205, Mérida, Yucatán, México.

2 Instituto de Biotecnología y Ecología Aplicada, Universidad Veracruzana. Campus para la Cultura, las Artes y el Deporte. Av. de las Culturas Veracruzanas No. 101. Colonia Emiliano Zapata, CP.91090. Xalapa-Enríquez, Veracruz, México.

*Correspondence Author: buzzy@cicy.mx

ESTE CAPÍTULO HA SIDO ACEPTADO EN LA REVISTA PLANT GENETIC RESOURCES

Abstract

Selection of lines from segregating generations and breeding hybrids to exploit heterosis or heterobeltiosis is an effective tool for improving economically important traits in the genus *Capsicum*. The objective of this study was to identify high potential parents to obtain high-yielding F₁ hybrids using a LinexTester (8x2) mating design in the habanero pepper improvement program. Ten parents and 16 hybrids were evaluated in order to determine their values of general combining ability, specific combining ability, heterosis, and heterobeltiosis. Parent NKA-11 had the highest values of GCA for different quantitative variables of the fruit, which does it suitable for future improvement works, and tester RNJ-04 showed the highest value of GCA for fruit length. The quantitative variables evaluated confirm a significant genetic variability among the habanero pepper genotypes studied. The best hybrids were NEK-03xRNJ-04, NBA-06xRNJ-04, AKN-07xRNJ-04, and RKI-10xRNJ-04, which showed their high productive potential with values between 3.13 to 4.92 Kg/Pta, a quality, that would open to them the national market for fresh consumption. Based on the GCA values of the parents and heterosis of the progenies, it is concluded hybridization would be the most appropriate genetic improvement method to increase both yield (YP) and the number of fruit for plant (NFP).

Keywords: F₁ hybrids; combining ability; heterosis; heterobeltiosis; breeding

Introduction

Capsicum comprises a complex taxon (species and varieties) with a high genetic and phenotypic diversity. In this genus, 32 species have been described, but only five of them, *Capsicum annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. baccatum*, and *C. pubescens*, are domesticated (Baba *et al.*, 2016). The habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) is native to South America. However, it is cultivated worldwide, with Mexico standing out as one of the main producers (FAO, 2022). This species is particularly diversified in the Yucatan Peninsula, where local habanero pepper fruits of many different shapes, sizes, and colors are found, due to the edaphoclimatic conditions of this region. These attributes placed it on the products list with the “Denomination of Origin” of the Yucatan Peninsula and have contributed to the popularity of habanero pepper in national and international markets (Norma Oficial Mexicana, 2017), this is a traditional crop in Mexico, which is cultivated as a culinary product for export due to its flavor, typical aroma and strong itching, characteristics that have generated significant demand in the markets (Peña-Yam *et al.*, 2019b).

The habanero fruit is an important ingredient in the cuisine of countries such as Mexico, China, Thailand, and South Korea (Nass *et al.*, 2015), and is known for its high pungency (Ribeiro *et al.*, 2015) and unique aroma (Teodoro *et al.*, 2013). It is also a rich source of vitamin C (Canto-Flick *et al.*, 2008), capsaicinoids (Jeeatid *et al.*, 2018; Sweat *et al.*, 2016; Ornelas-Paz *et al.*, 2010), phenolic compounds (Campos *et al.*, 2013), carotenoids (Giuffrida *et al.*, 2013; Gómez-García and Ochoa-Alejo, 2013; Butcher *et al.*, 2012) flavonoids (Teodoro *et al.*, 2013), and other secondary metabolites with antioxidant properties (Castro-Concha *et al.*, 2014). These qualities make the habanero pepper a key raw material for different industries (food, pharmaceutical, chemistry, and cosmetology, among others), but the high demand for this product in the market has not yet been satisfied, mainly due to the absence of highly productive varieties and hybrids that preserve the attributes that consumers prefer.

Peppers (*Capsicum* spp.) are diploid and largely self-pollinated, so the hybridization method, as a source of new genetic combinations, has been widely used to improve most of the additive and nonadditive traits in this crop (Karim *et al.*, 2021). Hybridization is a genetic improvement strategy that allows the transfer of genes of interest between species (interspecific) or within the same species (intraspecific) to develop genetically superior genotypes (Labroo *et al.*, 2021). Knowledge of the floral structure of a species and the nature of its reproductive process will facilitate the hybridization process (Zhang *et al.*, 2018). The habanero pepper can self-pollination, but the stigma and pollen are not receptive at the same time, and up to 90% outcrossing can occur. Studies related to anthesis, pollen viability, and stigma receptivity,

among others, are essential for the genetic improvement of this species (Hundal y Dhall, 2004). Recent studies of flowering in habanero pepper were addressed by Peña-Yam *et al.* (2019a), who determined that before anthesis (flower bud), the stigma is already receptive, while the anthers are still closed in most of the genotypes studied; this characteristic ensures that self-fertilization cannot occur, despite the fact that the stigma is already receptive. This particularity in the floral biology of the habanero pepper allows identifying this moment as the most appropriate to carry out manual pollination in this species in a hybridization program.

In this way, it is possible to take advantage of combining ability and heterosis (hybrid vigor) during the selection of high-yielding genotypes with high fruit quality (Pérez-Grajales *et al.*, 2009; Seneviratne y Kannangara, 2004). Heterosis is defined as the superiority of the F₁ hybrid over its parents with respect to traits such as yield (1.99 Kg/Pta/1.31 Kg/Pta), growth rates, and other characteristics (Shull, 1948). It has been widely used in agriculture to increase yield and broaden the adaptability of hybrid varieties (Singh, 2016). Heterosis occurs when the hybrid is superior to the parental mean (average between two parents) of a specific variable. The term "heterosis" describes the increased size and yield in crossbreds in comparison with their corresponding inbred; if there is no increase in these traits, there is no heterosis (Labroo *et al.*, 2021). Heterobeltiosis expresses the betterment of the best parent. There has been very little research that has focused on the commercial exploitation of heterosis in *Capsicum chinense*. Despite the fact this species has high genetic variability for many traits (Martinez *et al.*, 2021), information on allelic interaction and heterosis is rare. In previous work by this research team, eleven genotypes of *C. chinense* were evaluated, and high values of phenotypic variation and capsaicin content were found. This allowed them to be incorporated into the CICY crossbreeding program (Peña-Yam *et al.*, 2019).

Several breeding schemes have been used to evaluate variations, in general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) of *Capsicum* (Amin *et al.*, 2014). According to Sprague and Tatum (1942), the GCA estimates the average behavior of a line in combinations with other lines and is related to genetic effects of additivity, and the SCA refers to the specific combinations with respect to the GCA of its parents, that is, it is the deviation of a cross with respect to the average behavior of the parents and is related to dominance effects. The most used genetic designs in a breeding program are biparental, multiple crosses, test crosses, linextester (tester), and diallelic designs. These designs allow determining the combining abilities of experiments of crosses and parental lines, in addition to understanding the inheritance of the investigated traits (Amin *et al.*, 2014). One of the methods to assess specific combining ability (linextester) has been based on diallelic mating genetic designs, which basis were well described by Griffing (1956). Most of the work done in the genus *Capsicum* to

determine the magnitude of heterosis in hybrids has been done with *C. annuum*, and very few reports exist for other pepper species. Recently Peña-Yam (2020), and Muñoz-Ramírez (2020), reported obtaining both high yield and quality fruits F₁ hybrids of habanero pepper, under greenhouse conditions, for which they used 10 genotypes belonging to the germplasm preserved in Laboratory 9 of the Plant Biochemistry and Molecular Biology Unit (UBBMP), at Yucatan Scientific Research Center (CICY).

There is a growing and unsatisfied demand for habanero pepper in the national and international market; however, there are few improvement programs and a high risk of genetic erosion of the varieties. For this reason, the researchers at Laboratory 9, have worked to generate improved varieties and more productive F₁ hybrids. To do this, they rely on the estimation of statistical genetic parameters, which provide information on the genetic variation existing in the population, and thus support the progress of the selection process. The production of hybrids is an alternative that offers the producer a high yield potential, good climatic adaptation and resistance to the main diseases, as well as better fruit quality because it is superior to the characteristics of its parents. Therefore, a sustainable and competitive varietal creation is necessary to achieve new hybrids with different commercial purposes (Peña-Yam *et al.*, 2019a).

With this background, the objective of this study was to identify parents with high yield potential to obtain new commercial F₁ hybrids for fresh consumption.

Materials and methods

Ten genotypes of habanero pepper (*C. chinense* Jacq.) were selected from the germplasm conserved in UBBMP at CICY, as parents of F₁ hybrids. The selection of genotypes for this study was based on their outstanding fruit agronomic characteristics, on evaluations carried out in previous studies, such as yield between 1.48 - 4.75 Kg/Pta, number of fruits per plant between 109 - 522 fruits, and average weight from 6.75 to 16.68 g. The selected genotypes were ASB-02, NEK-03, RNJ-04, RHC-05, NBA-06, AKN-07, RES-08, MSB-09, RKI-10, and NKA-11. The management conditions given to the genotypes are described below and were the same followed in the evaluation of the hybrids. The investigation was conducted in a greenhouse, at 20–35 °C, with 55–75% of relative humidity and cycles of natural light (approximately, 11 h of light, 13 h of darkness), located in facilities at CICY, at 20° 58'2.53" North Latitude and 89° 35'33.30" West Longitude, and at an altitude of 10 masl (SMN, 2020).

Evaluation of the hybrids (F₁).

Seeds from parents and hybrids were disinfected with commercial sodium hypochlorite (Cloralex 99.9%) for 10 min and sown in 200 well polystyrene trays to germinate. As a substrate, Peat Moss Sunshine (mix 3) (Sol®) was used. After sowing, trays were covered with black plastic, until the seeds started to germinate. The transplant was carried out in black bags (40x40 cm) containing a substrate composed of a 3:1 mix of red soil and Sunshine. To promote the development of the root system, Hakaphos® 13-40-13 commercial fertilizer (1 g/L) was applied once a week, during the development of plantlets. Triple 18 fertilizer (3 g/L) was applied weekly to enhance vegetative growth. Agronomic management of the plants followed the guidelines for greenhouse habanero pepper cultivation (Villa-Castorena *et al.*, 2014). The distance between plants and between lines was 40 and 80 cm, respectively.

Genetic Mating Design

The crosses were conducted manually from October 2018 to April 2019. From the germplasm, 26 genotypes were used, with 10 parents: two male testers (RNJ-04, RES-08), and 8 female lines (ASB-02, NEK-03, RHC-05, NBA-06, AKN-07, MSB-09, RKI-10, NKA-11). Sixteen hybrids were obtained: ASB-02xRNJ-04, NEK-03xRNJ-04, RHC-05xRNJ-04, NBA-06xRNJ-04, AKN-07xRNJ-04, MSB-09xRNJ-04, RKI-10xRNJ-04, NKA-11xRNJ-04, ASB-02xRES-08, NEK-03xRES-08, RHC-05xRES-08, NBA-06xRES-08, AKN-07xRES-08, MSB-09xRES-08, RKI-10xRES-08, NKA-11xRES-08. The fruits of the hybrid progeny (F_1) of each cross were harvested when the fruit was completely ripe, in April 2021. Seeds were extracted from each fruit separately and placed in small Petri dishes (65.7x14.7 mm high), which were then placed in a 36 °C oven for 72 hours. After this time, seeds from each cross were stored in kraft paper envelopes (3.0x1.5 cm) and kept at 24–25 °C until sowing for evaluation.

The assessed variables were: fruit length (FL): Measured at the longest point; an average of 10 ripe fruits in the second harvest, fruit diameter (FD): Measured at the widest point, and an average of 10 ripe fruits in the second harvest; thickness of the pericarp (TP): Average thickness of 10 ripe fruits of the second harvest; the number of fruits per plant (NFP): Average number of fruits in each harvest per plant; average fruit weight (AFW): Average weight of 10 ripe fruits of the second harvest; and yield per plant (YP): Average fruit yield on 10 plants, as described by the IPGRI *Capsicum* Genus Descriptors Manual (IPGRI, 1995).

Statistical analysis.

Eight genotypes were used as female parents (ASB-02, NEK-03, RHC-05, NBA-06, AKN-07, MSB-09, RKI-10, NKA-11), and two genotypes were used as testers (RNJ-04 and RES-08). The ten parents were crossed according to the LinexTester mating design reported by Kempthorne (1957), the Griffing's method 2 model I (fixed effect) (Griffing, 1956). Genetic analysis was performed under the model proposed by Kempthorne y Curnow (1961), and described by Singh y Chaudhary (1985).

The experiment was performed in a random block design with four repetitions. A total of six plants, of each genotype, were evaluated from each of the harvests carried out. Based on the design, and analysis of variance was conducted, and the means were compared using Tukey's HSD multiple range test ($p \leq 0.05$) with the statistical package Statgraphics plus 5.0 (Plus, 2000).

General and Specific Combining Ability, Heterosis, and Heterobeltiosis.

The GCA and SCA were determined following the methodology of Jenkins and Brunson, (1932). Standard errors of the effects of GCA and SCA were estimated as described by Singh, (1973). The decomposition of the effect of genotypes in parents (P), crosses (C) and the interaction P vs. C, was done as indicated by Hallauer y Miranda (1988). The effects of both GCA and SCA's standard errors were estimated as previously described (Kahriman *et al.*, 2016).

According to Martínez-Martínez *et al.* (2014), heterosis (H) was estimated using the mean of the parents and expressed on a percentage scale. The significance of heterosis (H) was determined by Tukey's test with the statistical package Statgraphics plus 5.0. To identify hybrids with superior performance, heterobeltiosis (Hb) (if the vigor of the hybrid exceeds the expression of the best of its parents) was determined according to Robles (1986).

Results

All the agronomic variables recorded showed highly significant differences at $p \leq 0.05$ (Table 4). The effect of genotypes, the effect of the crosses, and the effect of parents was significant in all the variables analyzed, highlighting the AFW, NFP, and YP. The interaction P vs. C also had a behavior similar to the previous ones, which implies the existence of heterosis. The mean squares for the GCA were of greater magnitude than those of SCA in the variables studied, which suggests that the effects of the GCA contribute more to the genetic variation of

the yield components in the genotypes than the effects of SCA. The GCA differed significantly ($p \leq 0.05$) in fruit yield, the number of fruits per plant, and average fruit weight. For SCA, significant effects ($p \leq 0.05$) were found in the number of fruits per plant, and the average weight of the fruit, which indicates the presence of nonadditive genetic action (dominance) in these characters. As a result, the range of variation was obtained in the CV values (2.30–11.71 %) for each of the characteristics evaluated. The highest values corresponded to NFP (10.34 %) and YP (11.71 %), while the lowest values were for FL (3.68 %), FD (2.30 %), TP (4.11 %) and AFW (3.31 %).

Table 4. Analysis of the sources of variation and mean squares of the LinexTester design for the habanero pepper variables assessed.

Sources of variance	DF	FL	FD	TP	AFW	NFP	YP
Replicas (r)	3	0.94	0.55	0.59	0.074	48.16	0.01
Genotypes (g)	25	0.13*	0.11*	0.013*	32.35*	8199.15*	2.15*
Crosses (c)	13	0.83*	0.37*	0.38*	31.39*	6170.39*	2.11*
GCA	9	3.03*	0.74*	0.87*	79.46*	17467.79*	14.47*
SCA	8	0.91*	0.36*	0.63*	25.26*	5749.14*	0.33*
Parents (p)	9	2.12*	2.41*	0.79*	47.15*	9967.50*	0.87*
P vs C	1	0.39*	0.32*	0.26*	4.24*	2960.31*	0.58*
SE	75	0.19	0.10	0.12	0.06	0.22	0.26
CV %		3.68	2.30	4.11	3.31	10.34	11.71

*Tukey's $p \leq 0.05$; DF: Degrees of freedom; FL: Fruit Length (cm); FD: Fruit Diameter (cm); TP: thickness of the pericarp (mm); NFP: Number of fruits per plant; AFW: Average Fruit Weight (g); and YP: Yield per plant (Kg/Pta); GCA refers to parents; SCA refers to crosses; SE: Error Standard; CV: Coefficient of variation in percentage (%).

There were highly significant differences between genotypes in all the variables analyzed (Table 4.1). The hybrid vigor, which is the expression of heterosis, can be seen in the average values of the hybrids, which exceeded the average values of their parents and the average of the experiment, for the variables FL, FD, NFP, and YP, the opposite with what was observed for the FT and AFW variables. Regarding FL, the RNJ-04 parent used as a tester presented the highest value (5.70 cm) with respect to the rest of the parents, while the ASB-02×RNJ-04 hybrid with 6.38 cm and the MSB-09×RNJ-04 hybrid with 6.53 cm, surpassed the rest, for the same variable. For the FD variable, the parent ASB-02 reached the highest value with 4.05 cm; while the MSB-09×RES-08 and ASB-02×RNJ-04 hybrids presented the highest values

(4.28 and 4.23 cm, respectively). In the TP variable, the parents ASB-02 (3.50 mm), NBA-06 (3.38 mm), and NKA-11 (3.50 mm) reached the highest values, as well as the ASB-02×RNJ-04 (3.30 mm) and NEK-03×RES-08 (3.18 mm). For the AFW variable, six parents and three hybrids presented values greater than 11 g, differing significantly from the rest of the genotypes. Parent RNJ-04 had the lowest mean fruit weight at 6.25g. Regarding the NFP variable, the parents NEK-03 (199.25), RKI-10 (207.75), and NKA (193.50) showed the best results, while the RKI-10×RNJ-04 hybrid presented the highest with 481.75 fruits by plants, differing significantly from the rest of the hybrids studied. Regarding the parents used as testers, RNJ-04 stood out for FL and NFP, while RES-08 for AFW.

Table 4.1. Comparison of the mean values of the six fruit variables studied in the ten parents and the 16 hybrids of habanero pepper obtained.

Parents /Line x Tester	FL	FD	TP	AFW	NFP	YP
Lines						
ASB-02	3.25 i	4.05 a-b	3.50 a-b	9.25 d-g	68.75 j-l	0.64 m-ñ
NEK-03	4.50 d-h	2.53 f-g	3.00 c-d	11.25 a-d	199.25 e-f	2.24 e-h
RHC-05	4.20 g-h	3.48 b-d	3.08 b-d	12.25 a-b	107.50 h-l	1.32 i-m
NBA-06	4.43 e-h	3.10 e-f	3.38 a-c	11.00 a-d	121.50 g-k	1.34 i-m
AKN-07	3.18 i	3.48 b-d	3.00 c-d	12.50 a	93.00 h-l	1.16 j-n
MSB-09	2.98 i	3.60 b-d	3.05 c-d	9.75 d-f	77.50 i-l	0.76 l-ñ
RKI-10	5.03 c-d	3.40 c-d	2.08 g-h	12.25 a-b	207.75 e-f	2.54 d-f
NKA-11	4.53 d-h	2.40 g	3.58 a	12.50 a	193.50 e-g	2.42 d-g
Tester						
RNJ-04	5.70 b	2.35 g	2.53 e-f	6.25 i	51.00 k-l	0.31 ñ
RES-08	3.20 i	3.13 e	2.78 d-e	7.50 g-h	44.50 l	0.33 n-ñ
Line x Tester						
ASB-02×RNJ-04	6.38 a	4.25 a	3.30 a-c	9.82 c-f	104.25 h-l	1.04 k-ñ
NEK-03×RNJ-04	5.40 b-c	3.52 b-d	2.83 d-e	11.00 a-d	391.50 b	4.29 a-b
RHC-05×RNJ-04	5.63 b	3.60 b-d	1.75 h-i	9.92 c-f	288.00 c-d	2.86 d-e
NBA-06×RNJ-04	4.70 d-g	3.61 b-d	1.56 i	12.00 a-c	309.00 c	3.71 b-c
AKN-07×RNJ-04	4.40 e-h	3.30 c-d	2.20 f-g	11.00 a-d	285.25 c-d	3.13 c-d
MSB-09×RNJ-04	6.53 a	3.60 b-d	1.65 h-i	7.25 g-h	63.75 k-l	0.46 n-ñ
RKI-10×RNJ-04	4.78 d-f	3.28 e	1.91 g-i	10.25 b-e	481.75 a	4.92 a
NKA-11×RNJ-04	5.63 b	3.35 c-d	1.69 h-i	8.50 e-g	240.75 c-e	2.05 e-i
ASB-02×RES-08	4.85 c-e	3.36 c-d	3.08 b-d	9.23 d-g	139.75 f-j	1.66 g-k
NEK-03×RES-08	3.10 i	3.43 c-d	3.18 a-c	9.25 d-g	144.50 f-i	1.34 i-m
RHC-05×RES-08	4.05 h	3.03 e-f	3.00 c-d	7.75 f-h	98.00 h-l	0.76 l-ñ
NBA-06×RES-08	4.33 e-h	3.24 e	1.95 g-i	8.25 e-h	183.75 e-g	1.53 h-l
AKN-07×RES-08	3.20 i	3.88 b-d	1.95 g-i	9.70 d-f	196.25 e-g	1.90 f-j
MSB-09×RES-08	4.13 h	4.28 a	2.80 d-e	9.25 d-g	50.00 k-l	0.46 n-ñ
RKI-10×RES-08	4.23 f-h	3.53 b-d	3.00 c-d	8.00 d-e	166.50 e-h	1.34 i-m
NKA-11×RES-08	4.23 f-h	3.53 b-d	3.00 c-d	8.50 e-g	232.00 d-e	1.97 f-j
MExp	4.48	3.39	2.65	9.77	174.58	1.80
MPog	4.10	3.15	3.00	10.45	116.42	1.31

MCrosses	4.72	3.55	2.43	9.35	210.93	2.09
----------	------	------	------	------	--------	------

*Means with the same letter have no significant differences (Tukey's Studentized range test, $p \leq 0.05$); MExp denotes the mean of the experiment; MPog denotes the mean of the parents and MCrosses denotes the mean of the crosses.

Regarding the yield variable, the parents with the best results were: NEK-03, RKI-10, and NKA-11 with values of 2.24, 2.54, and 2.42 Kg/Pta, respectively, while the RKI-10×RNJ-04 hybrid produced 4.92 Kg/Pta and NEK-03×RNJ-04 yielded 4.29 Kg/Pta, which allowed predicting yields of 98.4 and 85.8 tons/ha, respectively. The RKI-10×RNJ-04 hybrid presented the highest value in the NFP variable, determining its high performance, while the AFW variable was the component with the greatest impact on the performance of the NEK-03×RNJ-04 hybrid. Therefore, NFP and AFW were the variables that most influenced performance. The genetic difference between both parents could have promoted the high productive potential in these hybrids. There were also other promising hybrids, that showed good behavior in yield, with values higher than 3.00 Kg/Pta, differing from the rest of the hybrids evaluated, these were: NBA-06×RNJ-04 with 3.71 Kg/Pta, which had the highest average weight of fruits (12.0 g), the largest number of fruits per plant (309.0) and large fruit size (FL 4.70 cm and FD 3.61 cm) and AKN-07×RNJ-04 hybrid with 3.13 Kg/Pta, 285.25 fruits per plant and average fruit weight of 11 g.

General and Specific Combining Ability, Heterosis, and Heterobeltiosis.

The effects of the estimated values of the GCA for the 10 habanero pepper parents (Table 4.2) showed that most of the parents had high and positive values in all the analyzed variables. Estimations of the parents' GCA showed the best values for each fruit variable were: RNJ-04 for FL (1.60), ASB-02 for FD (0.87), NKA-11 for TP (0.56) and YP (2.18), RKI-10 for NFP (82.83) and RES-08 for AFW (2.05). The RES-08 also showed a high value in NFP (71.93). Furthermore, some of the parents showed notable effects of GCA in more than one variable such as ASB-02 for FD (0.87) and TP (0.47); NEK-03 for NFP (82.83) and YP (1.0); RES-08 for NFP (71.93) and AFW (2.95); RKI-10 for NFP (91.33) and YP (2.04); and finally NKA-11, with the highest values for TP (0.56), NFP (77.08), AFW (2.05) and YP (2.18) respectively, the latter being the parent with the best GCA.

Table 4.2. General combining capacity (ACG) in the six fruit variables for the 10 progenitors of habanero pepper used in the study.

Parent	GCA FL	GCA FD	GCA TP	GCA NFP	GCA AFW	GCA YP
ASB-02	-0.85	0.87*	0.47*	-47.68	-1.20	-0.67
NEK-03	0.40	-0.40	0.02	82.83*	0.80	1.00*
RNJ-04	1.60*	-0.83	-0.25	-65.43	-4.20	-0.70
RHC-05	0.10	0.30	0.08	-8.93	1.80	0.33
NBA-06	0.33	-0.08	0.36	5.08	0.55	0.48
AKN-07	-0.92	0.30	0.04	-23.43	2.05*	0.44
RES-08	-0.90	-0.05	-0.25	71.93*	2.95*	0.27
MSB-09	-1.12	0.43*	0.05	-38.93	-0.70	0.18
RKI-10	0.93	0.23	-0.95	91.33*	1.80	2.04*
NKA-11	0.43	-0.78	0.56*	77.08*	2.05*	2.18*
SE	0.2892	0.1709	0.1365	19.73	0.7000	0.3159

* Tukey's $p \leq 0.05$ significant; GCA refers to parents; SE: standard error of the difference of parents means; FL: Fruit length (cm); FD: Fruit Diameter (cm); TP: thickness of the pericarp (mm); NFP: Number of fruits per plant; AFW: Average Fruit Weight (g), and YP: Yield per plant (Kg/Pta).

The SCA effects' estimates in the 16 hybrids (Table 4.3) showed high and positive values. The best hybrids for each fruit variable were: ASB-02xRNJ-04 and RKI-10xRNJ-04 with values of 1.04 and 1.02 for FL respectively; NKA-11xRNJ-04 and RKI-10xRES-08 for FD, both with a value of 1.45; ASB-02xRNJ-04 for TP (0.54); ASB-02xRNJ-04 and NBA-06xRNJ-04 with the best AFW values (6.19 and 6.69), respectively. Other values to consider in this same variable are in the NEK-03xRNJ-04, RHC-05xRNJ-04, AKN-7xRNJ-04, and RKI-10xRNJ-04 hybrids with values of 5.44, 3.19, 4.19 and 2.56, respectively. For NFP, five hybrids showed the best results with values between 174.66 and 326.41, whereas the RKI-10xRNJ-04 hybrid showed the highest value for this variable, with 326.41 fruits, and the NBA-06xRNJ-04 hybrid for YP (2.90). The NBA-06xRNJ-04 hybrid obtained the highest SCA values for the YP variable and its components, although other hybrids such as NEK-03xRNJ-04 (0.12) and RKI-10xRNJ-04 (0.83) also had outstanding values for the YP variable and that could be considered in similar selection programs.

Regarding the results of heterosis (H) (Table 4.3), all the variables analyzed showed high and positive values. The highest percentages of heterosis were recorded for NFP and YP. These variables could be improved more efficiently by breeding methods that take advantage of the effects of non-additive gene action, such as hybridization. For the FL variable, the best values were reached by the ASB-02xRNJ-04 (42.50%) and the RKI-10xRNJ-04 (30.02%) hybrids; for FD, there were three (NEK-03xRNJ-04, NKA-11xRNJ-04, RKI-10xRES-08) hybrids that obtained the best values with 44.18, 41.20 and 43.22%, respectively. The ASB-02xRNJ-04 hybrid obtained 9.65% for the TP variable. The NEK-03xRNJ-04 hybrid was the best value for

CAPÍTULO IV

AFW (61.08%). Five hybrids achieved the best values for both NFP (174.66-405.91%) and YP (203.64-350.98%). The RKI-10×RNJ-04 hybrid obtained the highest percentage of heterosis for NFP (405.91%) and the NBA-06×RNJ-04 hybrid for YP (350.98%).

Table 4.3. Specific combining capacity (SCA) and heterosis (H) values in 16 habanero chili hybrids for the six fruit variables studied.

Hybrids	SCA	H	SCA	H	SCA	H	SCA	H	SCA	H	SCA	H
	FL	(%)	FD	(%)	TP	(%)	AFW	(%)	NFP	(%)	YP	(%)
ASB-02×RNJ-04	1.04	42.50*	0.46	32.99	0.54	9.65*	6.19	27.60	29.66	73.93	-1.52	116.90*
NEK-03×RNJ-04	-1.19	5.86	1.25	44.18*	-0.19	2.28	5.44	61.08*	186.41	211.56*	0.12	235.04*
RHC-05×RNJ-04	-0.66	13.62	0.63	19.87	-0.57	-37.53	3.19	7.57	174.66	263.15*	-0.39	203.64*
NBA-06×RNJ-04	-1.81	-7.18	1.24	6.73	-1.04	-47.00	6.69	39.62	181.66	257.43*	2.90	350.98*
AKN-07×RNJ-04	-0.61	-0.64	0.58	13.57	-0.05	-18.43	4.19	17.39	186.41	296.67*	0.04	324.47*
MSB-09×RNJ-04	0.02	28.93	1.18	6.21	-0.95	-44.02	1.94	-15.87	-63.59	-26.24	-2.80	-44.12
RKI-10×RNJ-04	1.02	30.02*	-0.77	-4.68	-0.67	-16.47	2.56	-16.88	326.41	405.91*	0.83	296.64*
NKA-11×RNJ-04	-0.98	10.05	1.45	41.20*	-1.11	-36.11	1.94	-9.02	41.41	96.18	-2.29	49.79
ASB-02×RES-08	0.72	25.05	-0.74	2.26	0.11	-5.31	0.67	-10.00	-77.59	10.29	-1.51	-7.47
NEK-03×RES-08	-1.06	-0.02	-0.19	6.59	-0.34	-10.22	-0.56	-14.83	-72.59	10.24	-3.32	-10.63
RHC-05×RES-08	-1.26	-9.93	0.01	7.52	0.15	-5.84	-2.56	-21.24	-177.59	-38.95	-4.43	-57.34
NBA-06×RES-08	-2.28	-1.72	0.20	15.24	-1.17	-40.09	-4.56	-33.12	-72.09	21.71	-3.81	-16.50
AKN-07×RES-08	-1.11	-5.50	1.13	26.12	-0.40	-13.61	-3.06	-27.62	-37.84	46.95	-3.39	7.40
MSB-09×RES-08	0.07	11.26	-0.27	19.63	-0.51	-17.60	1.19	-8.58	-95.09	-47.71	-3.12	-47.30
RKI-10×RES-08	-1.18	-6.29	1.45	43.22*	-0.05	-8.73	-3.81	-32.67	-181.09	-15.30	-4.93	-42.14
NKA-11×RES-08	-0.86	-6.67	-0.42	8.45	-1.36	-43.27	1.19	8.10	51.16	105.83	-1.68	93.58
SE	0.2149		0.1475		0.1223		0.6323		32.28		0.4232	

* Tukey's $p \leq 0.05$ significant; SCA to crosses; H: Heterosis (%); SE: Standard error of SCA effects.

The percentages of heterobeltiosis (Hb) obtained among the habanero pepper hybrids are shown in Table 4.4. Hb percentages greater than 100% were found for NFP and YP. For both the NFP and YP fruit variables, five hybrids obtained the best values in a range between 153.71-346.90% for NFP and between 119.69-274.34% for YP. In the AFW variable, three hybrids showed values between 9.03-10.61%. The RKI-10×RNJ-04 hybrid stands out with the highest values for NFP (346.90%) and for YP (274.345%) and the ASB-02×RNJ-04 hybrid for AFW (10.61%). The component that contributed the most to performance was NFP. According to the results of this study, we can highlight that the hybrid obtained using masculine tester RNJ-04 had a significant superiority over the rest of the crosses, in terms of SCA, H, and Hb,

for most of the variables analyzed, as well as for YP and its components. The NEK-03×RNJ-04, NBA-06×RNJ-04, RKI-10×RNJ-04, and AKN-07×RNJ-04 F₁ hybrids were selected and recommended for inclusion in a program of hybrid seed production.

Table 4.4. Percentages of heterobeltiosis (Hb) obtained by the habanero pepper hybrids for the yield variables and their components.

Hybrids	Hb NFP (%)	Hb AFW (%)	Hb YP (%)
ASB-02×RNJ-04	52.22	10.61*	63.44
NEK-03×RNJ-04	195.91*	9.03*	198.65*
RHC-05×RNJ-04	167.55*	-19.90	119.69*
NBA-06×RNJ-04	153.71*	9.90*	141.69*
AKN-07×RNJ-04	206.89*	-9.92	170.20*
MSB-09×RNJ-04	-24.06	-21.31	-67.74
RKI-10×RNJ-04	346.90*	-17.78	274.34*
NKA-11×RNJ-04	23.08	-29.81	-15.30
ASB-02×RES-08	-27.23	-17.87	-39.09
NEK-03×RES-08	-25.35	-25.96	-44.59
RHC-05×RES-08	-25.97	-32.38	-65.97
NBA-06×RES-08	-5.31	-34.99	-36.75
AKN-07×RES-08	19.65	-33.12	17.71
MSB-09×RES-08	-59.46	-13.30	-65.48
RKI-10×RES-08	-16.53	-26.31	-44.71
NKA-11×RES-08	62.96	-17.05	43.28
SE	0.1466	0.1355	0.2512

* Tukey's $p \leq 0.05$ significant; Hb: heterobeltiosis (%); NFP: number of fruits per plant; AFW: Average fruit weight (g), and YP: Yield per plant (Kg/Pta).

Discussion

There were highly significant differences for each agronomic variable in this work, which demonstrates the wide variability of the study material. The effects of both genotype cross, and parents were high for yield, weight, and the number of fruits per plant. Similar results were reported by Gomide *et al.* (2003) for *Capsicum annuum* fruit yield and Pech-May *et al.* (2010) on Sweet pepper for yield and its components. That is, the evaluated characters of the germplasm were associated more with additive effects than with non-addictive ones, as has been reported in "Serrano" by Martínez-Martínez *et al.* (2014) and in chili (*C. annuum*) by Nandadevi y Hosamani (2003). GCA and SCA differed significantly ($p \leq 0.05$) in yield and its components, indicating the presence of nonadditive genetic action (dominance) in these traits. These results coincide with those reported in Sweet pepper by Pech-May *et al.* (2010) but they differ in the weight of the fruit from that reported in 'Serrano' chili by Martínez *et al.* (2005), who found the dominance effects were what determined this variable response; and it coincides with those of Lippert (1975), who found that additive effects were more important than dominance for fruit weight.

According to Martinez-Zambrano *et al.* (2005), the estimation of the CV provides the degree of variation in relation to the average of a given characteristic and shows the variability present within it, as well as its possibilities for improvement. This allows us to infer that the characteristics evaluated during our work were adequate to obtain substantial advances in the selection processes. Similar recommendations have been described by Meshram y Mukewar (2011) and Turgut (2003). Our results did not show a wide range in the CV values (2.30–11.71%) for the variables evaluated, but they helped to find wide morphological variability in the genotypes tested.

Peña-Yam *et al.* (2019b) and Amin *et al.* (2014) observed highly significant differences among the genotypes under their studies, indicating that there was a wide range of variability among them. According to Leal and Porras (1998), the differences between hybrids result from the variability present among the parents under study, which allows the production of hybrids with different phenotypes. In this sense, Luna-Ortega *et al.* (2013) have indicated that significant differences ($p \leq 0.01$) in the malexfemale interaction, can be attributed to the high genetic variability present between the parents, as well as to the effects of different combinations between the parents involved in crosses.

Luna-Garcia *et al.* (2018) studied hybridization between several types of peppers and stated there is enough genetic variability to develop superior varieties, given the significant differences between hybrids and parents, in terms of yield and its components. Hybrid vigor, which is the expression of heterosis, can be seen in the mean values of the hybrid, that exceeded the mean values of their parents, and the mean of the experiment for the variables FL, FD, NFP, and YP. This contrasts with there was observed for the variables TP and AFW. In general, these results corroborate what has been reported by different authors, on the superiority of F₁ obtained by crossing the less related parents, instead of the average parents of the population (Seneveviratne y kannangara, 2004) and that hybrid vigor exploitation will have allowed the expression of high yield potential or other traits of economic interest (Falconer y Makay, 1996).

According to SIAP (2019) report, under greenhouse conditions, the density of habanero pepper plants is 2.4/m², producing between 7 and 12 Kg/m² of commercial fruit, which indicates that each plant yields, on average, 3 to 4.5 Kg/Pta of habanero peppers. One would expect around 190 t/ha. SIAP reported yields of 85.5 t/ha (Peña-Yam *et al.*, 2019b) when evaluating 13 varieties of peppers (*C. annuum*), and found that “Orion hybrid” showed the highest average fruit weight (178.7 g), good size (9.2 cm diameter and 7 cm length), best yield per plant (1.9 Kg/Pta) and per plot (11.5 Kg/m²). On the other hand, Moreno *et al.* (2011) found that the “Magno hybrid” had the lowest yield (5.7 Kg/m²). In this work, two hybrids were obtained with a yield higher than 85.8 tons/ha. The hybrids obtained showed a significant increase in yield and in the number of fruits per plant, as well as the average weight of the fruit. These results corroborated those reported by Pech-May *et al.* (2010) who recommend the use of hybridization as a breeding method in *C. annuum* to increase the yield and the number of fruits per plant but not to improve characters, such as the length and width of the fruit, the thickness of the pericarp, or the average weight of the fruit.

In this study, six of the ten parents used, reached high and positive values for GCA in all fruit variables analyzed. Parent NKA-11 obtained the highest values, which allows it to be recommended for future improvement works in this crop. Similar results were reported by Gomide *et al.* (2003) for the fruit yield of *Capsicum annuum*, at the same time, different authors such as Peña-Yam (2020), and Muñoz-Ramírez (2020), obtained similar estimated GCA values for the habanero pepper parental lines. Pech-May *et al.* (2010) and Zewdie and Bosland (2000), observed positive GCA values are the expression of variability present in parents, that can be transmitted to their offspring. Since GCA is associated with additive gene action in the inheritance of traits, hybridization can contribute to the improvement of a particular trait (Martínez-Zambrano *et al.*, 2005).

This allows the selection of plants that combine superior traits, to those of their parents, and contributes to predicting crosses with higher productive potential. Pech-May *et al.* (2010) reported higher GCA values for total fruit yield in P2, P3, and P4 parents, which showed the highest positive values (20.9, 41.5, and 19.6 Kg/Pta, respectively). On the other hand, Khalil and Hatem (2014) working with peppers (*C. annuum*) indicated that, based on estimates of GCA values, they were able to identify the best parental lines for each trait. The selection of parents with good overall combining ability is a primary requirement for a breeding program's success, especially to increase heterosis.

High and positive SCA values were found in all variables for some of the hybrids studied. Five of these hybrids had the highest SCA value estimates. The best hybrid with high SCA estimates for yield variable and its components was NBA-06×RNJ-04. Also, other lines were of interest for their SCA values for the yield variable and could be considered in future selection programs. Similar results were reported by Peña-Yam *et al.* (2019b) in habanero pepper for the SCA of the yield variable, with values between 0.24 and 0.50 Kg/Pta. In addition, Pech-May *et al.* (2010) found significant effects of SCA for yield in different crosses carried out in sweet pepper (*C. annuum*) and obtained values of 0.77-0.33 Kg/Pta. Peña-Lomelí *et al.* (2008) evaluated intervarietal heterosis in Mexican husk tomatoes (*Physalis ixocarpa*) and found significant GCA effects for the three variables evaluated (NFP, AFW, and YP), as well as significant SCA effects for the AFW variable. Based on that, they suggested additive effects were more important than nonadditive effects for the variables NFP and YP. Khalil and Hatem (2014) working with peppers, reported estimated high SCA values similar to those in our work. Ahmed *et al.* (1997) suggested that the most appropriate breeding methods, to take advantage of favorable alleles, can be defined using parents and their crosses with high GCA and SCA values.

From a practical perspective, hybrid vigor is more important when the F₁ hybrid is superior to the best parent. Nowadays, heterosis is widely used in the agricultural production of different crops, such as rice, maize, vegetables, and some perennial plants (Yu *et al.*, 2021; Zhang *et al.*, 2021) According to Wu *et al.* (2021), heterosis is an indicator of the degree of genetic relationship between the parents, and its use has gradually improved the yield, quality, and resistance to disease of animals and plants, thus increasing social and economic benefits of agriculture. In our study, five hybrids presented heterosis values above 100 % for NFP, and six hybrids for YP.

According to Cabrera (2016), if these heterosis values are above 100 %, it can be stated that the two parents are genetically different. High values of yield heterosis have been detected in *Capsicum*. Ahmed and Muzafar (2000), reported an average heterosis value of 174.52 %, Seneviratne and Kannangara (2004) of up to 154 %, and Meshram and Mukewar (2011) of 157 %. Similar results were recorded by Peña-Yam *et al.* (2019b) in habanero pepper: 504.14 % heterosis for yield, 79.87% for fruit weight, 38.14 % for fruit length, and 249.66 % for the number of fruits per plant. On the other hand, Shrestha *et al.* (2011) working with *C. annuum* found that the highest percentage of positive heterosis was obtained for fruit number (104.0 %) and yield (141.2 %), in the 5AVS7×SP32 hybrid.

In addition, they obtained high and negative heterosis values for all the characters studied, which allowed inferring a wide range of genetic variability among the parents used in the crossing program. Similar results were reported by Pech-May *et al.* (2010) in different sweet pepper crosses P3×P5 (-65.7 %), P2×P7 (-54.3 %), P1×P6 (-42.4 %), and P3×P7 (-40.9 %) for yield trait. These authors suggest that traits NFP and YP could be improved, using the hybridization method because it allows exploiting more efficiently the effects of nonadditive gene action, while for the variables fruit length and fruit diameter, low heterosis values are improved by the individual selection method. The negative SCA values observed for some traits, in certain crosses, suggest that these parents were poor combiners (Gomide *et al.*, 2003). In the case of heterosis, negative values were found for almost all variables (except for FT), which would cause unfavorable impacts on hybrid performance. The phenomenon of negative heterosis has been widely ignored in genetic studies and breeding programs, but it is accepted that the expression of heterosis in F₁ hybrids of *Capsicum* species depends on parental participation (Shrestha *et al.*, 2011). High and negative heterosis values were recorded for all the traits studied, which allows inferring the wide range of genetic variability between the parents used in the crossbreeding program.

The Hb percentages obtained in our hybrids exceeded 100 % for the NFP and YP variables. NFP was the yield component that contributed the most to this trait. This corroborates that reported by Pech-May *et al.* (2010), who also found that NFP made the greatest contribution to total fruit yield, supporting those genetic differences between parents promote hybrid vigor expression. From a practical perspective, (Hb) is a parameter of great interest for the commercial exploitation of hybrid vigor (Cabrera, 2016). The same authors working with tomato crops found outstanding combinations exhibiting the best performance for the yield per plant variable compared to their superior parents.

Prasad *et al.* (2003) reported high and positive H and Hb values for chili (*C. annuum*) hybrids. Kumar and Lal (2001), analyzed heterosis and heterobeltiosis in hot pepper (*C. annuum*) hybrids and observed high Hb values for AFW, which allowed them to select high-yielding hybrids. Similarly, Shrestha *et al.* (2011), working with sweet pepper (*C. annuum*) found high Hb values in the crosses 5AVS7×SP32 (87.2 %) and SP12×SP38 (119.3 %). In this work, there are other hybrids, although, to a lesser degree, they also showed Hb values above 100 %, and could also be recommended for future crossbreeding programs. The wide diversity of the *C. chinense* species, combined with the high demand for habanero peppers, has recently prompted different groups of scientists to work on the genetic improvement of this crop, to obtain varieties and hybrids that meet the expectations of the different markets (De Sousa *et al.*, 2003). Recent reports (Peña-Yam, 2020; Muñoz-Ramírez, 2020), show important advances that, in this sense, have been achieved. It is important to highlight, that the hybrid obtained through the RNJ-04 male tester, had a significant superiority over the rest of the crosses in terms of SCA, H, and Hb for most of the variables analyzed, as well as for YP and its components. This will allow the effective selection of high-yielding F₁ hybrids, with other important agronomic characteristics of great interest, for different markets that require fresh habanero pepper for consumers, or as raw material to be processed.

The results obtained in this work, come to reaffirm the importance of generating F₁ hybrids of habanero pepper for fresh consumption, more productive, more uniform, that have less affected by the environment due to their heterozygous condition, and present greater productive potential than their parents. At the same time, that meets consumer expectations, due to the lack of improved varieties that have affected the slow development of this crop in the Yucatan region.

Given the importance of hybridization as a breeding strategy, it has led current breeding programs to emphasize the development of these hybrids, due to their high yield potential based on the quality and productivity of this crop, taking advantage of the hybrid vigor that is generated, by combining in a single genotype, the favorable genes present in two or more different parents. The 16 hybrids obtained from habanero pepper, come to form a genetic resource, which together with others already obtained, are the first to be achieved in the Peninsula from local varieties. With this, the independence of imported hybrid seeds is achieved, whose high cost makes it impossible for farmers in the area to acquire them (Peña-Yam *et al.*, 2019b).

The genetic improvement of plants allows obtaining varieties with characteristics of higher commercial and nutritional quality, greater resistance to abiotic and biotic adverse factors to crop, and higher yield. Through crossbreeding, different desired characteristics can be combined in the same individual, which, together with the selection process, will allow for achieving better and greater productive characteristics and a greater adaptation of the plants to the environment. The need to carry out a good selection process for habanero pepper lines is becoming more important every day, in order to be used as more competitive F₁ hybrid parents, where genetic-statistical parameters optimize this selection process. Recently, modern methods have emerged, that help to select the best characteristics and minimize the chances that the crops will be harmed by external factors, among which are molecular markers selection assisted, which combines very well with traditional breeding. Also, the induction of mutations when genetic variability is low; in vitro tissue culture, genetic engineering, and gene improvement, give the plant new beneficial characteristics such as resistance to diseases, pests, tolerance to herbicides, and stresses such as drought, frost, and high temperatures, and can contribute to changing the nutritional features in the fruits. Therefore, a sustainable and competitive varietal development is necessary to achieve new cultivars for different commercial purposes, with high yield potential, good climatic adaptation, and fruit quality, and that contemplates the production of F₁ hybrids, due to the advantages that we offer (Rizwan *et al.*, 2018).

This work offers information of great interest on the effects of general combining ability (GCA) and specific (SCA) for the yield characters, and their components, of habanero pepper genotypes, which allowed us to estimate the degree of dominance, heterosis, and heritability, with the purpose of identifying and evaluating heterotic patterns among the lines, developed from native germplasm of this crop, in Yucatan Peninsula. The varieties used in this study, have outstanding fruit quality characteristics in terms of flavor, aroma, pungency, and color, that have been widely appreciated and they are different from what is produced in the rest of the country. For this reason, we consider that everything previously mentioned in this work is of great value, both theoretical and practical, considering that there is currently a lack of promising genetic materials to satisfy the growing demand for habanero pepper, as well as a lack of basic information such as that obtained in this work for the successful development of improvement programs in this crop.

In conclusion, in the selection process, six of the ten parents stood out for having high and positive values for GCA, among them the parent NKA-11 obtained the highest values. The quantitative variables evaluated confirm an important genetic variability among the habanero pepper genotypes studied, which allowed obtaining hybrids with superiority in SCA, H, and Hb, for most of the variables analyzed, as well as for yield, with values higher than 4.29 Kg/Pta (85 tons/ha). The best-selected hybrids were NEK-03xRNJ-04, NBA-06xRNJ-04, AKN-07xRNJ-04, and RKI-10xRNJ-04, which show their great productive potential, a quality that would make them enter the national and international fresh market. Based on the GCA values of the parents and the heterosis of the progenies, it is concluded, that hybridization would be the most appropriate breeding method, to increase YP and NFP. These results will contribute to the development of future selection works in the genetic improvement of this crop.

CAPÍTULO V. CARACTERIZACIÓN MORFOAGRONÓMICA DE HÍBRIDOS F₁ DE CHILE HABANERO DE LOS CARACTERES RELACIONADOS EN LOS DESCRIPTORES PARA *CAPSICUM* Spp. ESTABLECIDOS POR EL IPGRI y EL SNICS.

Introducción

Cada vez se utilizan más en el mundo, híbridos en sustitución de las variedades de polinización abierta, tanto para ser plantados en campo abierto como en invernaderos, pues de manera muy eficiente se logra con ellos aumentar la producción e incrementar los rendimientos por unidad de superficie y otros atributos, tales como el tamaño y calidad del fruto deseado; además, estos permiten la rentabilidad de la mejora (Dueñas-Hurtado *et al.*, 2012). La producción de semilla híbrida de chile, pone a disposición de los mercados e industrias, materiales genéticos de alto potencial agronómico dado sus altos rendimientos, contenido de capsaicina, y otras características de interés comercial. La incorporación de estos híbridos en la economía agrícola representa un impacto sustancial desde el punto de vista económico, social y cultural, en Yucatán. Además, brindan la posibilidad al productor, de concurrir al mercado con un producto de buena calidad, para satisfacer las necesidades de los consumidores como último eslabón de la cadena productiva (Castañeda-Álvarez *et al.*, 2015; Rodríguez *et al.*, 2018; 2014).

Tradicionalmente, las especies de *Capsicum* han sido identificadas y caracterizadas por descriptores morfológicos (60 %) (Maramba *et al.*, 2008) y un 40 % con caracterización bioquímicas (Kumar *et al.*, 2001). Para Carvalho *et al.* (2014) la caracterización morfológica es el primer paso en el estudio de la diversidad, ya que permite la descripción de cada especie y la identificación y diferenciación de grupos genéticos. Esta caracterización no solo contempla la variabilidad detectable visualmente con respecto a la morfología y arquitectura de la planta, sino que también incluye características de manejo agronómico y de producción, de ahí que el objetivo de la caracterización de cualquier germoplasma es medir la variabilidad genética de una colección para su mejora, apoyado en el uso de descriptores bien definidos (Vallejo *et al.*, 2013).

Para cualquier análisis de evaluación de datos en la caracterización de un germoplasma, se encuentran los métodos estadísticos de tendencia central y dispersión, así como multivariados para obtener conclusiones acerca de la variabilidad y la utilidad del germoplasma. Por un lado, en los análisis cuantitativos se determina el promedio, la media, el rango de variación, la desviación estándar y el coeficiente de variación, los cuales permiten

describir la variabilidad del germoplasma y detectar datos no esperados y errores de medición. Por su parte, los métodos multivariados analizan medidas múltiples de cada individuo, lo que permite la descripción de las accesiones tomando en cuenta varias características en simultáneo, sin dejar de considerar la relación entre ellas. Dentro de estos métodos se encuentran el de discriminante múltiple, las correlaciones canónicas, la regresión múltiple, multivariante de varianza y conjunto, así como los métodos factoriales, conglomerados, multidimensional y de correspondencia (Muñoz, 2016).

Por tanto, se hace necesario la caracterización de los diversos germoplasmas y su conservación debido a la gran cantidad de genes de reserva que se encuentra en ellos y pueden ser considerados de importancia económica si se insertan en los Programas de Mejoramiento. La caracterización morfológica y agronómica de las distintas especies cultivadas ha permitido contar con valiosas accesiones del género *Capsicum* las cuales han impulsado numerosos programas y proyectos de mejoramiento con el fin de incrementar la producción y los rendimientos en muchos de los cultivos agrícolas (Cruz-Neto *et al.*, 2016; Vallejo *et al.*, 2013).

De ahí que el objetivo del presente estudio fue la evaluación morfoagronómica de nuevos híbridos de chile habanero con la ayuda de descriptores cualitativos y cuantitativos, con el fin de caracterizar todas las F₁ obtenidas y seleccionar los idiotipos deseados.

Materiales y Métodos

Ubicación del experimento: Todos los experimentos se realizaron en condiciones de invernadero ubicado en la unidad BBMP, en las áreas del CICY, Mérida, de septiembre de 2020 a mayo del 2021.

Material vegetal: Se utilizaron 50 F₁ de chile habanero (*C. chinense* Jacq.) del germoplasma conservado en la UBBMP del CICY (Tabla 5).

Tabla 5. Nomenclatura y relación de 50 híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*) que fueron evaluados por los descriptores morfológicos.

Código	Híbridos	Código	Híbridos	Código	Híbridos
H1	ASB-02xNEK-03	H18	NBA-06xNKA-11	H48	RCH-05xRKI-10
H2	ASB-02xNBA-06	H19	AKN-07xRNJ-04	H50	NBA-06xAKN-07
H3	ASB-02xNKA-11	H20	NKA-11xNBA-06	H51	NBA-06xRES-08
H4	NEK-03xASB-02	H21	NKA-11xNEK-03	H52	NBA-06xRKI-10

H5	NEK-03xNBA-06	H34	RNJ-04xNEK-03	H53	AKN-07xASB-02
H6	NEK-03xNKA-11	H35	RNJ-04xASB-02	H56	AKN-07xRES-08
H7	ASB-02xRNJ-04	H36	ASB-02x AKN-07	H57	MSB-09xRNJ-04
H8	NEK-03xRNJ-04	H37	ASB-02xRES-08	H59	MSB-09xRKI-10
H9	RNJ-04xRHC-05	H38	NEK-03xAKN-07	H60	RKI-10xRNJ-04
H10	NBA-06xRNJ-04	H39	NEK-03xRES-08	H61	RKI-10xRHC-05
H11	RNJ-04xNKA-11	H40	NEK-03xRKI-10	H62	RKI-10xRES-08
H12	RHC-05xRNJ-04	H42	RNJ-04xAKN-07	H63	RKI-10xNKA-11
H13	RHC-05xAKN-07	H43	RES-08xRNJ-04	H64	MSB-09xRES-08
H14	RHC-05xNKA-11	H44	RNJ-04 xMSB-09	H65	NKA-11xRNJ-04
H15	NBA-06xASB-02	H45	RNJ-04xRES-08	H66	NKA-11xRES-08
H16	NBA-06xNEK-03	H46	RHC-05xRES-08	H67	NKA-11xRKI-10
H17	RNJ-04x NBA-06	H47	RCH-05xMSB-09		

Evaluación de los híbridos (F_1): Se realizó el mismo procedimiento que en el Capítulo IV.

Diseño experimental: Una vez obtenidas las cruzas F_1 (50), se estableció un experimento mediante un diseño de bloque al azar con tres repeticiones, con una unidad experimental de seis plantas cada uno. Se evaluaron las variables medidas a nivel de plántula antes del trasplante, como: altura (ATPT), diámetro del tallo (DTPT) y número de hojas (NHPT). Se midieron variables cualitativas y cuantitativas (de planta y de fruto) (Tabla 5.1).

Descriptores cualitativos: Para la evaluación morfológica de los genotipos (progenitores e híbridos) se midieron 25 variables cualitativas (Tabla 5.1), para ello se utilizó la Guía de Descriptores del IPGRI (1995) y el SNICS (2015), para el género *Capsicum*. Estos descriptores se sometieron a un análisis de correspondencia múltiple (ACM), del programa estadístico IBM SPSS Statistics versión 22 (IBM Corp. 2013).

Tabla 5.1. Descriptores evaluados y su clasificación observada en híbridos F_1 de *C. chinense*, según el IPGRI (1995) y el SNICS (2015).

Clave	Descriptores Morfológicos	Clasificación según los descriptores para <i>Capsicum</i>
Descriptores cualitativos		
RB	Ramificación basal (SNICS)	1: ausente; 3: escaso; 5: medio; 7: abundante
HC	Hábito de crecimiento (SNICS)	1: erecto; 3: extendido; 7: colgante

CAPÍTULO V

CAN	Coloración antocianina del nudo (SNICS)	1: ausente 3: débil, 5: media, 7: fuerte
PT	Pubescencia del tallo (SNICS)	3: Laxa; 5: media; 7: densa
FT	Forma del tallo (SNICS)	1: cilíndrico, 2: angular
FH	Forma de la hoja (SNICS)	1: lanceolada, 5: oval, 7: deltoide
IVH	Intensidad del color verde hoja (SNICS)	3: débil, 5: medio, 7: fuerte
TH	Textura de la superficie hoja (SNICS)	3: ligeramente rugosa, 5: moderadamente, 9: rugosa
PH	Posición de la hoja (SNICS)	1: erecta, 2: horizontal
PF	Posición de la flor (IPGRI) (SNICS)	3: pendiente, 5: intermedia, 7: erecta
CA	Color de las anteras (SNICS)	3: violeta, 5: azul violáceo, 7: azul
CF	Color del filamento (SNICS)	1: verde claro, 2: verde amarillento, 3: violeta azulado claro, 4: violeta, 5: azul
PE	Posición del estigma (IPGRI)	3: inserto, 5: al nivel de las anteras, 7: exserto
MLF	Margen de la lámina foliar (IPGRI) (SNICS)	1: entera, 2: ondulada, 3: ciliada
NFA	Número de flores por axila (IPGRI)	1: uno, 2: dos, 3: tres o más, 4: muchas en racimo
CCO	Color de la corola (IPGRI)	1: blanco, 2: amarillo claro, 3: amarillo, 4: amarillo verdoso, 5: morado con la base blanca, 6: blanco con la base púrpura, 7: blanco con el margen púrpura, 8: morado, 9: otro
MCF	Margen del cáliz del fruto (SNICS)	1: entero, 2: medio, 3: dentado
CFI	Intensidad Color del fruto inmaduro (SNICS) (IPGRI) (SNICS)	3: verde claro, 5: verde, 7: verde oscuro
CFM	Color del fruto maduro (SNICS) (IPGRI) (SNICS)	2: amarillo, 4: naranja, 5: rojo, 6: púrpura amarronado
FF	Forma del fruto (IPGRI) (SNICS)	1: triangular, 2: acampanulado, 3: cuadrado, 4: rectangular
TF	Textura de la superficie del fruto (SNICS)	1: liso, 2: semirrugoso, 3: rugoso
NLF	Número de lóculos fruto (SNICS)	2, 3, 4, 5
FAF	Forma del ápice del fruto (SNICS)	1: puntiagudo, 3: redondeado, 5: hundido, 7: hundido y puntiagudo
OTF	Ondulación transversal del fruto (SNICS)	3: débil, 5: medio, 7: fuerte

DPF	Densidad de la placenta fruto (SNICS)	3: laxa, 5: semi-distribuida, 7: compacta
Descriptores cuantitativos		
G	Germinación (%) IPGRI	Registrado los días 7, 10, 15, y 21.
AP	Altura de la planta (cm) IPGRI	Registrada cuando comienza a madurar el primer fruto en el % 50 de las plantas.
LT	Longitud del tallo (cm) SNICS	Se midió la altura desde la base del tallo hasta la primera bifurcación, después de la primera cosecha.
DT	Diámetro del tallo (mm) a nivel de plántula SNICS	Se midió en la parte del medio entre la base y la primera bifurcación, después de la primera cosecha.
LLH	Longitud limbo hoja (cm) SNICS	Se midió en hojas de la parte media de la planta, después de la primera cosecha.
ALH	Ancho del limbo hoja(cm) IPGRI, SNICS	Se midió en la parte más ancha de las hojas de la parte media de la planta, después de la primera cosecha.
DFL	Días a la Floración (DDF) (IPGRI) SNICS	Número de días desde el trasplante hasta que el 50 % de las plantas tenga al menos una flor abierta.
DFR	Días a la Fructificación (DDF) (IPGRI) SNICS	Número de días desde el trasplante hasta que el 50 % de las plantas tienen frutos en la primera y segunda bifurcaciones.
DCO	Días inicio cosecha (DDC) (IPGRI) SNICS	Número de días desde el trasplante hasta que el 50 % de las plantas tienen frutos huecos en la primera y segunda bifurcaciones.
LF	Longitud del fruto (cm) IPGRI SNICS	Medido en el punto más largo; promedio de 10 frutos maduros en la segunda cosecha.
DF	Diámetro del fruto (mm) IPGRI SNICS	Medido en el punto más ancho, promedio de 10 frutos maduros en la segunda cosecha.
GP	Grosor del pericarpio fruto (mm) IPGRI SNICS	Promedio del espesor de 10 frutos maduros de la segunda cosecha.
NFP	Número de frutos por planta	Promedio del número de frutos en cada cosecha por planta.
PPF	Peso promedio del fruto (g) IPGRI, SNICS	Promedio del peso de 10 frutos maduros de la segunda cosecha.
RTO	Rendimiento (Kg/Pta)	Promedio del rendimiento del fruto en 10 plantas.
CC	Contenido de capsaicina (mg/g de PS)	Promedio de 10 frutos escogidos por accesión al azar, con el método de Collins <i>et al.</i> , (1995) y cuantificado por HPLC.

En los Anexos 5 y 5.1 se presentan imágenes de algunas de las evaluaciones hechas a la planta y al fruto del chile habanero, de acuerdo con los descriptores del cultivo.

Descriptores cuantitativos: Para la evaluación agronómica de los híbridos se midieron 17 descriptores cuantitativos propios del género *Capsicum* (Tabla 5.1). Los datos se tomaron hasta la séptima cosecha. Los descriptores se sometieron a un análisis de varianza y las medias se docimaron mediante la prueba de Rangos Múltiples de Tukey HSD ($p \leq 0.05$). Se determinó la asociación entre descriptores cuantitativos usando la correlación de Pearson. Los valores medios de los descriptores cuantitativos fueron sometidos a un análisis de componentes principales (ACP), utilizando solo los descriptores cuantitativos significativos según el análisis de varianza y un análisis clasificación jerárquico, incluyendo las variables de mayor contribución según el análisis de ACP, se usó como índice de disimilitud, la distancia euclidiana al cuadrado y el algoritmo de ligamiento por el Método de Ward (método de varianza mínima). Todos los análisis se realizaron mediante el programa estadístico StatGraphics Plus 5.0 (Plus, 1994).

Resultados

Descriptores cualitativos.

La variación de rasgos cualitativos de los 25 caracteres evaluados en 50 genotipos de chile habanero (Tabla 5.2) reveló que, el 51.7 % de los híbridos F_1 y progenitores manifestaron un color de antocianina del nudo fuerte (CAN), el 65 % de los genotipos presentó un color violeta de sus anteras (CA), la forma de hoja (FH) que predominó fue la lanceolada con el 58.3 %, mientras que la intensidad verde de la hoja (IVH) fue fuerte en el 68.3 % de las hojas. La posición del estigma en la flor (PE) fue excerto (68.3 %) y la textura de la hoja (TH) se observó que era ligeramente rugosa (76.7 %). En cuanto al color del fruto en estado inmaduro (CFI), se presentaron tres tonalidades de colores diferentes, con predominio del verde (41.7 %), mientras que para el color del fruto maduro (CFM), se identificaron los genotipos de plantas con frutos maduros de diferentes colores: amarillo, naranja, rojo y morado. El rojo fue el color más frecuente (68.3 %) en los genotipos evaluados. La forma del fruto (FF) también exhibió gran diversidad, la más común fue la forma triangular (55 %), seguida del acampanulado (25 %). El 71.1 % de los frutos presentaron ápice puntiagudo (FAF), el tipo de epidermis predominante (TE) fue la semirrugosa con el 60 %. La mayoría de los frutos presentaron tres lóculos (NLF), con una densidad de la placenta (DP) compacta, ambos con un porcentaje de distribución del 86.7 %. La ondulación transversal del fruto (OTF) fue media (53.3 %) y el margen del cáliz del fruto (MCF) fue medio con el 50 % en los frutos evaluados.

Los descriptores cualitativos que manifestaron el 100 % de las características evaluadas, en los genotipos evaluados, fueron el hábito de crecimiento (HC) erecto, la ramificación basal del tallo (RB), la forma cilíndrica del tallo (FT), la pubescencia en el tallo (PT), la posición horizontal de la hoja (PH) y el margen ciliado de la hoja (MLF). Además, el número de flores por axila (NFA) predominante fueron de tres o más flores, la posición de la flor (PF) fue erecta, se manifestó el color verde claro en el color del filamento (CF) y el color de la corola (CCO) que predominó fue el amarillo.

Tabla 5.2. Porcentaje de distribución de las 15 características cualitativas tanto de planta como del fruto, en híbridos F₁ y progenitores de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

Descriptor	Frecuencia de ocurrencia del descriptor %			
CAN	Ausente= 6.7	Débil=33.3	Media=8.3	Fuerte= 51.7
CA	Violeta= 65	Azul claro= 35		
FH	Lanceolada= 58.3	Oval= 41.7		
IVH	Débil= 1.7	Medio= 30	Fuerte= 68.3	
PE	Inserto=1.7	Al mismo nivel= 33.3	Exserto= 65	
TH	Ligeramente rugosa 76.7	Moderadamente rugosa= 23.3		
CFI	Verde claro= 35	Verde= 41.7	Verde oscuro= 23.3	
CFM	Amarillo= 8.3	Naranja= 20	Rojo= 68.3	Morado= 3.3
FF	Triangular= 55	Acampanulado= 25	Cuadrado= 20	
FAF	Punteagudo= 71.7	Redondeado= 25	Cuadrado= 3.3	
TE	Liso= 35	Semirrugoso= 60	Rugoso= 5	
NLF	2 = 11.7	3 = 86.7	4 = 1.7	
DP	Laxa= 5	Semidistribuida= 8.3	Compacta=86.7	
OTF	Débil= 43.4	Medio= 53.3	Fuerte= 3.3	
MCF	Entero= 6.7	Medio= 50	Dentado=43.3	

CAN: Color de antocianinas en el nudo, CA: Color de las anteras, FH: Forma de la hoja, IVH: Intensidad verde de la hoja, PE: Posición del estigma, TH: Textura de la hoja, CFI: Color del fruto inmaduro, CFM: Color del fruto maduro, FF: Forma del fruto, FAF: Forma del ápice del fruto, TF: textura del fruto, NLF: Número de lóculos de los frutos, DP: Densidad de la placenta del fruto, OTF: Ondulación transversal fruto, MCF: Margen del cáliz del fruto.

Análisis de correspondencia múltiple (ACM)

Los dos primeros ejes del ACM explicaron el 44.31% de la variabilidad total (Tabla 5.3). Las variables que más contribuyeron al eje 1 fueron el margen del cáliz (MC), color del fruto en estado inmaduro (CEI) y ondulación transversal del fruto (OTF) con una contribución del 23.70 %. En el caso del segundo eje, los descriptores que más contribuyeron fueron: el color del fruto en estado de madurez (CEM), la antocianina en el nudo (AN), forma del fruto (FF), tipo de epidermis (TE), y forma del ápice del fruto (FAF) con una contribución del 20.61 %.

Tabla 5.3. Porcentaje de la varianza en el análisis de correspondencia múltiple en las variables estudiadas en híbridos F₁ y progenitores de *C. chinense* Jacq.

Descriptor	Dimensión		Media
	1	2	
Antocianina del nudo	0.214	<u>0.353*</u>	0.284
Forma de la hoja	0.034	0.002	0.018
Intensidad Verde de la hoja	0.057	0.233	0.145
Textura de la hoja	0.001	0.209	0.105
Color de las anteras	0.032	0.042	0.037
Posición del estigma	0.037	0.018	0.027
Margen del cáliz	<u>0.537*</u>	0.021	0.279
Color del fruto inmaduro	<u>0.593*</u>	0.260	0.427
Color del fruto maduro	0.545	<u>0.608*</u>	0.576
Forma del fruto	0.232	<u>0.326*</u>	0.279
Tipo de epidermis	0.302	<u>0.393*</u>	0.347
Ondulación transversal	<u>0.535*</u>	0.106	0.321
Forma del ápice del fruto	0.192	<u>0.336*</u>	0.264
Densidad de la placenta	0.236	0.084	0.160
Número de lóculos	0.126	0.107	0.116
Total activo	3.793	3.298	3.545
% de la varianza	23.705	20.610	22.158
Total de la varianza	44.31 %		

Las variables subrayadas son las de mayor contribución en cada dimensión.

La distribución de los principales descriptores cualitativos, de los híbridos F₁ y progenitores evaluados, obtenida con el ACM, se muestra en la Figura 5. La Figura A representa los descriptores cualitativos de mayor contribución. Dentro del círculo rojo están los descriptores

de mayor contribución en el eje 1 y en círculo verde, los que contribuyeron más en el eje 2. Se aprecia que los híbridos obtenidos (Figura B) comparten características similares entre ellos en cuanto a los rasgos cualitativos de mayor incidencia, observando una ubicación compacta en el gráfico.

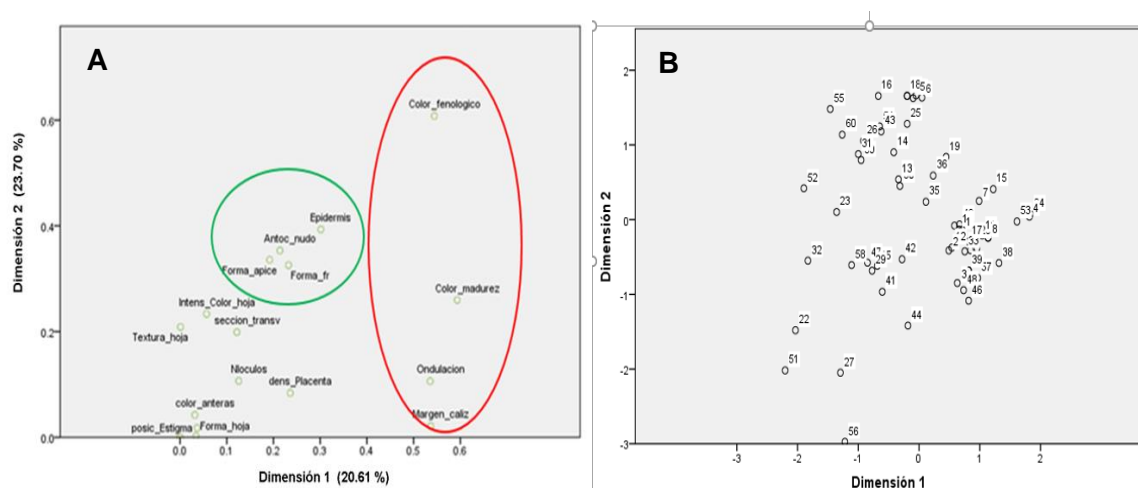


Figura 5. Distribución de los principales descriptores cualitativos que contribuyen a los ejes 1 y 2 (A) y la Distribución de los híbridos F₁ y progenitores evaluados (B), observados a partir de los análisis de correspondencia múltiple.

En la Tabla 5.4 se resumen las principales características cualitativas del fruto en los híbridos F₁ de chile habanero obtenidos. Se obtuvieron en total 42 híbridos de color del fruto rojo, seis de color naranja y dos de color amarillo.

Tabla 5.4. Resumen de las características cualitativas principales de los frutos en los híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*) obtenidos.

Híbridos	Forma del fruto	Tipo de epidermis	Color del fruto estado inmaduro	Color del fruto estado maduro
H1	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Claro	Rojo
H2	Acampanulado	Liso	Verde Claro	Rojo
H3	Acampanulado	Liso	Verde Claro	Rojo
H4	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H5	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja
H6	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja
H7	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H8	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo

H9	Triangular	Liso	Verde Claro	Rojo
H10	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H11	Triangular	Semirrugoso	Verde Claro	Rojo
H12	Triangular	Semirrugoso	Verde Claro	Rojo
H13	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H14	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H15	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H16	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja
H17	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H18	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja
H19	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H20	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja
H21	Triangular	Liso	Verde Claro	Naranja
H34	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H35	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H36	Acampanulado y en bloque	Semirrugoso	Verde Claro	Amarillo
H37	Triangular	Liso	Verde Oscuro	Rojo
H38	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H39	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H40	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H42	Acampanulado y en bloque	Liso	Verde Oscuro	Rojo
H43	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H44	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H45	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H46	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Claro	Rojo
H47	Acampanulado y en bloque	Semirrugoso	Verde Claro	Rojo
H48	Acampanulado	Liso	Verde Claro	Rojo
H50	Acampanulado y en bloque	Liso	Verde Oscuro	Rojo
H51	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H52	Acampanulado y en bloque	Liso	Verde Claro	Rojo

H53	Acampanulado	Liso	Verde Claro	Amarillo
H56	Triangular	Rugoso	Verde Oscuro	Rojo
H57	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Claro	Rojo
H59	Acampanulado	Simirrugoso	Verde Claro	Rojo
H60	Triangular	Rugoso	Verde Oscuro	Rojo
H61	Acampanulado	Liso	Verde Claro	Rojo
H62	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H63	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H64	Acampanulado y en bloque	Semirrugoso	Verde Claro	Rojo
H65	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H66	Triangular	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo
H67	Acampanulado	Semirrugoso	Verde Oscuro	Rojo

En el anexo 5.2 se muestra la diversidad en la forma y color de los híbridos de chile habanero obtenidos y sus progenitores. En el anexo 5.3 se presentan algunas imágenes de cómo se realizó la descripción de los caracteres presentados en la Tabla 5.4, mediante los descriptores del género.

Descriptores Cuantitativos

La Variación de los Rasgos Cuantitativos (17) se puede observar en la Tabla 5.5, donde todas las variables evaluadas presentaron un p-valor igual a cero para $p \leq 0.05$. Esto significa la probabilidad de que la hipótesis nula es falsa, por lo que el resultado del estudio es fiable e importante bajo las mismas condiciones para todo el experimento. Para los cuadrados medios del genotipo, se pudo comprobar que existen diferencias significativas en todas las variables analizadas, las que presentan alta variabilidad, los valores más altos fueron RTO, CC, A, y G; el valor más bajo fue para GP. Todas las variables fueron incluidas en el análisis de componentes principales (ACP), excepto las variables fenológicas que se hizo un análisis por separado pues se quería seleccionar las más precoces para futuros manejo en el campo.

Tabla 5.5. Análisis de varianza de las variables cuantitativas en los híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*) evaluados.

Variables	Cuadrados Medios			
	Réplica	Genotipo	EE	<i>p</i> -valor
	3	60	140	
G (%)	20.67	745.88*	0.54	0
ALPT (cm)	15.87	107.35*	0.19	0
DTPT (mm)	2.76	98.56*	0.02	0
NHPT	0.065	87.59*	0.13	0
DFL (DDT)	80.73	142.56*	0.41	0
DFR (DDT)	10.56	134.78*	0.41	0
DCO (DDT)	15.67	139.45*	0.56	0
AP (cm)	50.34	987.45*	3.41	0
LT (cm)	18.56	107.56*	1.33	0
DT (mm)	0.056	0.135*	0.54	0
LLH (cm)	4.05	5.67*	0.19	0
ALH (cm)	0.965	2.45*	0.19	0
LF (cm)	3.34	4.43*	0.86	0
DF (cm)	0.988	2.30*	0.50	0
GP (mm)	0.067	0.008*	0.58	0
NFP	15.78	38.56*	0.30	0
PPF (g)	11.67	32.56*	0.10	0
RTO (Kg/Pta)	8546	245347.78*	0.13	0
CC (mg/g PS)	0.355	3805.34*	0.22	0

*Diferencia significativa ($p < 0.05$), *p*-valor: es la probabilidad de que la hipótesis nula sea cierta, EE: Error estándar, G: Germinación, APT: Altura de la plántula, DTPT: Diámetro del tallo de la plántula, NHPT: Número de hojas en plántula, DFL: Días a la floración, DFR: Días a la fructificación, DCO: Días a la cosecha, AP: Altura de la planta, LT: Longitud del tallo, DT: Diámetro del tallo, LLH: Longitud limbo hoja, ALH: Ancho del limbo hoja, LF: Largo del fruto, DF: Diámetro del fruto, GP: Grosor del Pericarpio, NFP: número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto, RTO: Rendimiento, CC: Contenido de capsaicina.

Los resultados del análisis de varianza de los caracteres evaluados a nivel de plántulas se presentaron en el Tabla 5.6. La germinación de los híbridos, estuvo por encima del 85%. Los híbridos que presentaron un 100% de germinación fueron los H35, H36, H57, H58 y H66. En el análisis del vigor de las plántulas, todas las variables mostraron diferencias altamente significativas para $p \leq 0.05$, hay nueve híbridos alcanzaron los mejores valores, tanto para la altura, diámetro del tallo, como para el número de hojas.

Cuadro 5.6. Porcentaje de germinación y vigor de las plántulas de los híbridos F₁ de *Capsicum chinense*.

Híbridos	Germinación	Plántula		
	%	Altura (cm)	Diámetro tallo (mm)	Número hojas
H1	90.75 e	12.12 a-d	3.86 a-e	8.0 b
H2	93.08 b-e	12.26 a-c	3.81 b-g	8.0 b
H3	90.75 e	11.18 c-e	3.81 b-g	10.0 a
H4	86.91 f	12.84 a	3.94 a-b	10.0 a
H5	86.66 f	12.6 a-b	3.95 a	10.0 a
H6	92.58 c-e	10.12 e-g	3.70 f-h	8.0 b
H7	92.33 d-e	11.02 d-f	3.74 e-h	8.0 b
H8	91.83 d-e	9.68 g	3.79 c-g	8.0 b
H9	92.58 c-e	10.12 e-g	3.69 g-h	9.6 ab
H10	92.58 c-e	9.76 g	3.77 d-g	8.0 b
H11	85.91 f	10.06 e-g	3.61 h-i	8.0 b
H12	95.91 b	12.32 a-b	3.92 a-c	8.0 b
H13	90.75 e	12.12 a-d	3.86 a-e	8.0 b
H14	85.91 f	12.26 a-c	3.84 a-e	8.0 b
H15	85.91 f	12.26 a-c	3.81 b-g	8.0 b
H16	85.66 f	12.96 a	3.81 b-g	10.0 a
H17	90.75 e	9.68 g	3.54 i	8.0 b
H18	95.66 b-c	11.18 c-e	3.81 b-g	10.0 a
H19	94.08 b-d	12.94 a	3.81 b-g	9.6 a-b
H20	85.91 f	12.84 a	3.94 a-b	10.0 a
H21	91.0 d	12.6 a-b	3.95 a	10.0 a
H34	90.75 e	12.6 a-b	3.95 a	10.0 a

CAPÍTULO V

H35	100.0 a	12.84 a-b	3.85 a-e	10.0 a
H36	100.0 a	12.12 a-d	3.89 a-d	8.0 d
H37	91.0 d-e	12.26 a-c	3.84 a-e	8.0 d
H38	90.75 e	12.6 a-b	3.82 a-g	8.8 c
H39	90.75 e	12.62 a-b	3.85 a-e	9.2 b-c
H40	85.91 f	12.32 a-b	3.81 b-g	8.0 d
H42	91.75 d-e	12.76 a	3.81 b-g	9.6 a-b
H43	85.91 f	12.12 a-d	3.86 a-e	8.0 d
H44	85.91 f	12.26 a-c	3.81 b-g	8.0 d
H45	92.58 c-e	12.96 a	3.81 b-g	10.0 a
H46	95.91 b	9.76 g	3.54 i	10.0 a
H47	92.33 d-e	11.58 b-d	3.81 b-g	10.0 a
H48	85.66 f	12.84 a	3.94 a-b	10.0 a
H50	92.58 c-e	12.6 a-b	3.95 a	10.0 a
H51	85.91 f	12.12 a-d	3.86 a-e	8.0 d
H52	85.91 f	12.26 a-c	3.81 b-g	8.0 d
H53	85.91 f	11.18 c-e	3.81 b-g	10.0 a
H56	86.16 f	12.84 a-b	3.94 a-b	10.0 a
H57	100 a	11.18 c-e	3.81 b-g	10.0 a
H59	100 a	12.84 a	3.94 a-b	10.0 a
H60	95.91 b	12.6 a-b	3.95 a	10.0 a
H61	92.58 c-e	12.12 a-d	3.86 a-e	8.0 d
H62	93.33 b-e	10.02 f-g	3.83 a-f	8.0 d
H63	85.91 f	9.68 g	3.74 e-h	8.0 d
H64	85.66 f	12.6 a-b	3.95 a	10.0 a
H65	92.33 d-e	10.06 e-g	3.70 f-h	8.0 d
H66	100 a	9.68 g	3.79 c-g	8.0 d
H67	85.66 f	9.76 g	3.77 d-g	8.0 d

Comparación de medias Tukey, letras diferentes significan que los valores difieren para $p \leq 0.05$.

Con respecto a las evaluaciones fenológicas realizadas se pudo observar que existen diferencias altamente significativas entre ellas. Dieciocho híbridos F₁ iniciaron su floración a los 32-33 días, 16 F₁ iniciaron a los 37-38 días y 16 F₁ lo hicieron a los 44 días. Con respecto a la fructificación, 10 F₁ fructificaron a los 60-61 días, 17 F₁ a los 67-68 días y 23 F₁ a los 75 días. La primera cosecha se realizó a los diez días aproximadamente del registro de los días a fructificación (Tabla 5.7).

Tabla 5.7. Evaluaciones fenológicas de los híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*).

Híbridos	Inicio floración	Inicio fructificación	Inicio cosecha
	DDT	DDT	DDT
H1	32.25 a	67.25 b	77.25 c
H2	44.0 c	75.0 c	85.75 d
H3	32.25 a	68.0 b	77.50 c
H4	33.50 a	67.50 b	78.0 c
H5	33.75 a	75.0 c	85.0 d
H6	32.50 a	68.0 b	77.50 c
H7	38.0 b	75.25 c	85.75 d
H8	37.25 b	61.0 a	70.0 a-b
H9	37.50 b	75.0 c	85.75 d
H10	38.0 b	60.75 a	69.50 a-b
H11	38.0 b	75.75 c	85.50 d
H12	37.75 b	61.0 a	69.25 a-b
H13	33.0 a	61.0 a	69.25 a-b
H14	32.75 a	75.75 c	85.0 d
H15	44.0 c	75.50 c	85.25 d
H16	32.50 a	67.50 b	78.0 c
H17	37.50 b	61.0 a	69.25 a-b
H18	32.25 a	67.50 b	78.0 c
H19	38.0 b	60.75 a	69.75 a-b
H20	32.25 a	61.0 a	70.0 a-b
H21	32.25 a	75.0 c	85.25 d
H34	37.75 b	60.75 a	67.50 a
H35	38.0 b	68.0 b	77.25 c

H36	44.50 c	75.0 c	85.25 d
H37	44.0 c	67.75 b	77.25 c
H38	38.0 b	68.0 b	77.0 c
H39	44.50 c	75.0 c	85.25 d
H40	32.25 a	68.0 b	77.25 c
H42	38.0 b	68.0 b	77.25 c
H43	44.50 c	75.0 c	84.75 d
H44	44.0 c	75.0 c	85.0 d
H45	38.75 b	75.0 c	84.75 d
H46	44.0 c	68.0 b	77.25 c
H47	44.0 c	75.0 c	85.0 d
H48	32.25 a	75.0 c	84.75 d
H50	38.75 b	75.0 c	85.0 d
H51	44.0 c	68.0 b	77.25 c
H52	32.75 a	68.0 b	77.25 c
H53	32.75 a	68.0 b	77.25 c
H56	44.0 c	74.75 c	85.25 d
H57	44.0 c	74.87 c	85.0 d
H59	44.0 c	74.87 c	84.87 d
H60	38.75 b	60.25 a	69 a-b
H61	32.25 a	75.0 c	85.0 d
H62	44.0 c	68.0 b	77.75 c
H63	32.25 a	68.0 b	78.0 c
H64	44.0 c	75.0 c	85.0 d
H65	38.75 b	60.50 a	70.75 b
H66	44.0 c	75.0 c	85.75 d
H67	33.0 a	75.0 c	85.25 d

Comparación de medias Tukey, letras diferentes indican que los valores difieren para $p \leq 0.05$.; DDT: Días Después del Trasplante

Los valores medios de los descriptores cuantitativos evaluados en la planta se detallan en la Tabla 5.8. Existen diferencias altamente significativas para $p \leq 0.05$, al observar la superioridad de algunos de los híbridos sobre sus progenitores. El híbrido H21 fue el de mayor altura con 157.47 cm, el H17 tuvo mayor longitud del tallo con 80.6 cm y el H15 alcanzó mayor diámetro del tallo con 16 mm. En cuanto a la longitud y diámetro del limbo de la hoja, el H57 alcanzó los mejores resultados con 18.62 y 11.65 cm, respectivamente. Se destacaron también los híbridos H42 (17.55 cm) para LLH y H53 (11.65 cm) ALH, con los valores más altos.

Tabla 5.8. Evaluación cuantitativa de la planta de los híbridos F_1 de chile habanero (*C. chinense*).

Híbridos	Planta			Hoja	
	AP (cm)	LT (cm)	DT (mm)	LLH (cm)	ALH (cm)
H1	99.95 h-k	56.5 f-k	12.75 b-f	11.2 u-w	8.0 f-l
H2	99.82 h-k	52.77 j-ñ	10.0 f-j	11.4 t-v	7.17 j-p
H3	98.66 i-k	44.9 ñ-q	9.5 g-j	12.7 n-r	7.02 k-q
H4	101.1 h-k	47.02 m-q	10.5 d-j	11.67 r-u	6.62 n-q
H5	85.12 k	42.02 p-r	9.25 h-j	13.55 k-ñ	7.02 k-q
H6	101.92 h-k	35.92 r	9.0 i-j	11.2 u-w	6.07 p-q
H7	122.93 c-i	50.62 k-o	12.75 b-f	13.1 m-p	8.1 e-j
H8	129.17 b-f	47.82 l-q	11.25 b-i	12.82 n-p	6.87 m-q
H9	134.97 a-c	35.92 r	9.0 i-j	11.2 u-w	6.07 p-q
H10	130.8 b-e	41.77 p-r	11.5 b-h	12.92 n-p	7.7 g-n
H11	127.56 c-g	49.5 k-p	14.0 a-b	13.2 l-p	7.2 j-o
H12	134.42 a-d	46.65 n-q	12.5 b-g	16.62 b-e	9.2 c-e
H13	107.42 e-k	58.97 e-j	13.75 a-c	13.4 k-o	8.2 d-j
H14	108.98 d-k	46.65 n-q	12.5 b-g	16.62 b-e	9.2 c-e
H15	101.45 h-k	61.62 d-h	16.0 a	11.15 u-w	6.72 m-q
H16	107.7 e-k	35.55 r	8.75 i-j	13.75 j-n	8.67 c-g
H17	95.02 j-k	80.6 a	10.5 d-j	15.37 f-i	8.15 d-j
H18	105.38 e-k	41.8 p-r	8.25 j	11.6 s-u	6.0 q
H19	124.59 c-h	35.55 r	8.75 i-j	13.75 j-n	8.67 c-g
H20	102.95 g-k	45.87 n-q	10.0 f-j	12.67 n-r	6.95 l-q
H21	157.47 a	45.25 ñ-q	8.25 j	13.6 j-ñ	7.77 g-m

H34	95.02 j-k	43.32 o-r	13.5 a-d	10.27 w	6.15 o-q
H35	95.02 j-k	65.75 c-e	14.25 a-b	14.5 g-k	8.97 c-f
H36	104.0 f-k	54.75 h-m	9.5 g-j	14.77 g-j	8.9 c-f
H37	154.62 a-b	57.2 f-k	10.75 b-j	12.1 q-t	6.47 ñ-q
H38	116.32 c-j	53.25 i-n	10.5 d-j	16.17 c-f	8.1 e-j
H39	110.25 c-k	71.52 b-c	10.0 f-j	14.2 h-l	7.45 h-n
H40	97.4 j-k	60.82 e-i	12.25 b-h	13.25 l-p	8.37 d-i
H42	129.0 c-f	64.35 c-f	13.75 a-c	17.55 a-b	11.22 a
H43	95.02 j-k	68.82 b-d	11.5 b-h	15.5 e-g	8.45 d-h
H44	102.95 g-k	68.82 b-d	11.75 b-h	12.42 o-s	7.22 j-o
H45	95.65 j-k	61.80 d-h	11.5 b-h	14.3 g-l	7.6 g-n
H46	95.02 j-k	62.55 d-h	10.5 d-j	14.46 g-k	8.12 e-j
H47	130.8 b-e	63.52 d-f	11.75 b-h	14.52 g-k	8.17 d-j
H48	95.02 j-k	63.35 d-g	11.5 b-h	15.55 d-g	9.25 c-d
H50	95.65 j-k	56.8 f-k	13.25 a-e	15.42 f-h	10.57 a-b
H51	130.8 b-e	47.92 l-q	10.5 d-j	12.85 n-q	7.45 h-n
H52	129.17 b-f	55.1 h-l	10.75 c-j	13.4 k-o	7.5 h-n
H53	95.65 j-k	44.1 o-q	11.75 b-h	16.92 b-c	11.65 a
H56	130.8 b-e	57.35 f-k	9.25 h-j	10.72 v-w	6.65 n-q
H57	102.95 g-k	55.5 g-l	12.75 b-f	18.62 a	11.22 a
H59	95.02 j-k	59.2 e-j	12.25 b-h	16.72 b-d	9.62 b-c
H60	102.95 g-k	57.35 f-k	9.25 h-j	13.55 k-ñ	7.47 h-n
H61	122.93 c-i	56.57 f-k	10.5 d-j	13.22 l-p	8.1 e-j
H62	129.17 b-f	54.7 h-m	11.75 b-h	11.17 u-w	7.45 h-n
H63	154.62 a-b	74.25 a-b	10.5 d-j	13.55 k-ñ	7.45 h-n
H64	122.93 c-i	44.22 o-q	10.87 c-j	12.22 p-t	8.27 d-j
H65	134.97 a-c	41.0 q-r	10.15 f-j	14.37 g-l	7.3 i-ñ
H66	116.32 c-j	63.07 d-g	10.25 e-j	14.52 g-k	8.45 d-h
H67	129.17 b-f	75.62 a-b	14.12 a-b	14.52 g-k	8.15 d-j

Los promedios dentro de cada columna seguidos por la misma letra no son significativamente diferentes entre sí en función del nivel de probabilidad $p < 0.05$ para Tukey; AP: Altura de la planta, LT: Longitud del tallo, DT: Diámetro del tallo, LLH: Longitud del limbo de la hoja, DLH: Diámetro del limbo de la hoja.

Los valores medios de los descriptores cuantitativos de los frutos evaluados se describen en la Tabla 5.9. Se encontraron diferencias altamente significativas para $p \leq 0.05$. Para el largo del fruto, el híbrido H17 obtuvo el mayor valor con 6.52 cm, seguido del H7 con 6.37 cm; ambas F_1 relacionadas con el progenitor P26 de mayor valor (5.70 cm) para esta variable. En la variable diámetro del fruto, los híbridos H2 y H7 (4.27 y 4.25 cm respectivamente) son los que alcanzaron los mayores valores superando a sus progenitores. El híbrido H52 posee el mejor valor de grosor del pericarpio con 3.57 mm. En cuanto a los componentes del rendimiento, las mejores F_1 para el número de frutos por plantas fueron H13 con 481.75 y H8 con 391.5 frutos y el híbrido H47 para el peso promedio del fruto con 14 g. Se destacan los híbridos H8 (4.29 Kg/Pta) y H13 (4.92 Kg/Pta) por su rendimiento por planta. Además, sobresale también otros híbridos como H10 (3.71 Kg/Pta), H17 (3.43 Kg/Pta), H19 (3.13 Kg/Pta), y H60 (3.36 Kg/Pta) y con un peso promedio de todos estos híbridos por encima de los 11.0 g. Entre los híbridos de color naranja el H20 obtuvo los mejores resultados para las variables analizadas, con un rendimiento de 2.81 Kg/Pta. Los híbridos el H7 y H35, fueron los de mayores valores de contenido de capsaicina en fruto, con 128.41 y 132.33 mg/g de PS respectivamente, superando en valor a uno de sus progenitores RNJ-04 con 120.38 mg/g de PS. Los híbridos H43 y H51, aunque están por debajo de los dos progenitores de mayor contenido de capsaicina, presentaron valores de 114.39 y 110.61 mg/g de PS. En cuanto a las unidades de picor de Scoville, de manera general, los híbridos se comportaron por encima de las 150 000 SHU reportadas para los chiles habaneros. Por encima del rango reportado (350 000 SHU) encontramos 32 híbridos. Los híbridos de mayores valores fueron el H7 de 960 687.00 SHU, H35 con 1 048 419.92 SHU, H43 con 904 440.30 SHU y H51 con 934 745.07 SHU. El híbrido que se destacó por su alto contenido de capsaicina fue el H35 con más de un millón de grado Scoville.

Tabla 5.9. Evaluación cuantitativa de los frutos de los híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*).

Híbridos	LF (cm)	DF (cm)	GF (mm)	NFP	PPF (g)	RTO Kg/Pta	CC mg/g PS	SHU
H1	4.85 e-i	3.36 e-i	3.07 b-e	147.75 g-j	9.25 d-j	1.37 k-o	33.03 a ₁ -c ₁	262 291.54
H2	4.12 k-n	4.27 a	2.80 e-f	50.0 m-q	9.25 d-j	0.46 q-t	36.18 w-x	294 010.95
H3	3.10 q	3.43 d-i	3.17 a-e	144.5 g-j	9.25 d-j	1.34 l-o	34.16 y-a ₁	277 309.62
H4	4.15 k-n	3.43 d-i	3.12 a-e	46.5 n-q	7.50 h-j	0.35 q-t	47.17 s	362 250.00
H5	4.05 l-ñ	3.02 h-k	3.0 c-e	98.0 j-p	7.75 g-j	0.76 ñ-t	39.8 u-v	316 184.68
H6	4.35 i-n	3.17 g-j	3.10 b-e	107.75 j-m	7.75 g-j	0.83 ñ-t	42.25 t	341 139.68
H7	6.37 a-b	4.25 a	3.30 a-d	104.25 j-n	9.82 c-j	1.04 n-r	128.41 c	960 687.00
H8	5.39 c-f	3.51 c-i	2.85 d-f	391.5 b	11.0 a-h	4.29 a-b	69.40 l	596 227.27
H9	4.30 i-n	3.40 d-i	2.07 h-k	139.5 h-k	7.25 i-j	0.49 p-t	55.61 p-q	484 048.11
H10	4.70 g-k	3.61 b-g	1.55 l	309.0 c	12.00 a-f	3.71 b-c	82.52 i	625 545.37
H11	5.62 c-d	3.35 e-i	1.7 k-l	240.75 d-e	8.50 f-j	2.05 h-k	46.32 s	450 235.13
H12	5.63 c-d	3.60 b-h	1.75 j-l	288.0 c-d	9.92 c-j	2.86 d-g	83.20 i	709 347.48
H13	4.78 f-j	3.27 g-j	1.95 i-l	481.75 a	10.25 b-i	4.92 a	48.12 s	372 427.61
H14	4.32 i-n	3.23 g-j	1.95 i-l	183.75 e-h	8.25 g-j	1.53 k-ñ	28.39 g ₁ -h ₁	272 921.45
H15	3.20 q	3.87 a-f	1.95 i-l	196.25 e-h	9.70 c-j	1.90 h-l	33.83 y-b ₁	362 515.23
H16	3.32 o-q	2.72 j-m	2.80 e-f	99.0 j-o	7.25 i-j	0.71 ñ-t	29.51 e ₁ -g ₁	237 590.11
H17	6.52 a	3.6 b-h	1.7 k-l	280 c-d	12.25 a-e	3.43 c-d	31.75 b ₁ -e ₁	279 138.58
H18	4.22 i-n	3.52 b-i	3.0 c-e	188.25 e-h	8.75 e-j	1.65 j-n	24.87 i ₁ -j ₁	245 841.51
H19	4.40 h-n	3.30 f-j	2.20 h-j	285.25 c-d	11.0 a-h	3.13 c-f	47.89 s	385 241.60
H20	4.22 i-n	3.52 b-i	3.0 c-e	267.00 c-d	10.5 b-i	2.81 d-g	32.78 a ₁ -d ₁	331 233.15
H21	4.22 i-n	3.52 b-i	3.0 c-e	166.5 d-e	8.50 f-j	1.34 l-o	35.89 x-y	352 132.10

H34	3.87 n-p	4.10 ab	3.22 a-e	269.25 c-d	11.5 h-j	1.08 n-r	86.61 h	494 959.08
H35	3.25 p-q	4.05 a-c	3.5 a-b	68.75 k-q	11.25 a-g	0.63 o-t	132.34 b	1 048 419.92
H36	4.35 h-n	2.52 k-m	3.0 c-e	199.25 e-g	9.25 d-j	1.24 l-p	28.85 f ₁ -h ₁	266 715.15
H37	5.3 c	2.35 m	2.52 f-h	51.0 l-q	6.25 j	0.31 s-t	41.54 t-u	321 475.14
H38	4.2 j-n	3.47 c-i	3.07 b-e	107.5 j-m	12.25 a-e	1.31 l-p	31.11 c ₁ -f ₁	315 103.02
H39	4.42 h-n	3.1 g-k	3.37 a-c	121.5 i-l	11.0 a-h	1.34 l-o	54.52 q	448 140.28
H40	3.17 q	3.47 c-i	3.0 c-e	93.0 j-p	12.5 a-d	1.16 m-q	29.77 e ₁ -g ₁	338 102.33
H42	3.20 q	3.12 g-j	2.77 e-g	44.5 n-q	7.50 h-j	0.33 r-t	62.13 n	657 627.04
H43	5.2 c-g	3.32 f-i	1.95 i-l	23.5 q	13.0 a-c	0.30 t	114.39 d	904 440.30
H44	5.8 b-c	3.12 g-j	3.05 b-e	42.5 o-q	12.0 a-e	0.51 p-t	75.06 j	580 103.93
H45	5.25 c-g	3.95 a-d	2.97 c-f	60.75 l-q	12.5 a-d	0.76 ñ-t	62.68 n	498 594.46
H46	4.15 k-n	3.92 a-e	3.07 b-e	22.75 q	12.5 a-d	0.28 t	72.39 k	568 524.00
H47	3.87 n-p	4.10 ab	3.20 a-e	72.0 k-q	14.0 a	1.00 n-s	28.67 g ₁ -h ₁	285 100.59
H48	4.17 j-n	3.6 b-h	2.07 h-k	62.0 l-q	13.75 a-b	0.84 n-t	29.55 e ₁ -g ₁	295 143.15
H50	2.97 q	3.6 b-h	3.05 b-e	77.5 k-q	9.75 c-j	0.75 ñ-t	31.56 b ₁ -e ₁	315 231.10
H51	5.02 d-h	3.40 d-i	2.07 h-k	63.75 l-q	12.25 a-e	0.46 p-t	110.61 f	934,745.07
H52	4.52 h-m	2.4 l-m	3.57 a	72.75 k-q	10.0 c-i	0.72 ñ-t	38.46 v-w	390 130.20
H53	3.45 ñ-q	4.05 a-c	3.32 a-c	43.5 n-q	7.50 h-j	0.33 r-t	59.51 ñ-o	441 696.25
H56	4.32 i-n	4.02 a-c	3.05 b-e	44.5 n-q	10.5 a-i	0.33 r-t	51.79 r	409 253.95
H57	5.35 c-f	2.95 i-l	2.0 i-l	42.5 o-q	10.0 c-i	0.42 q-t	30.55 d ₁ -g ₁	316 611.33
H59	3.95 m-o	3.6 b-h	3.10 b-e	82.5 k-p	12.5 a-d	1.04 n-r	65.49 m	503 031.62
H60	4.55 h-m	3.6 b-h	2.1 h-k	271.00 c-d	12.5 a-d	3.36 c-d	93.8 g	729 678.56
H61	4.3 i-n	4.02 a-c	2.02 i-k	100.5 j-ñ	13.75 a-b	1.38 k-o	53.83 q-r	438 204.16
H62	4.62 g-l	4.05 a-c	3.0 c-e	41.0 p-q	12.5 a-d	0.51 p-t	61.25 n-ñ	504 242.34

CAPÍTULO V

H63	4.45 h-n	3.47 c-i	2.3 h-i	62.5 l-q	12.75 a-d	0.80 ñ-t	54.27 q	447 109.07
H64	4.62 g-l	3.30 f-j	3.32 a-c	79.5 k-q	10.25 b-i	0.81 ñ-t	47.4 s	379,847.30
H65	5.47 c-e	3.22 g-j	2.17 h-j	281.25 c-d	11.5 h-j	1.23 l-p	57.37 o-p	464 607.36
H66	5.4 c-f	3.47 c-i	2.32 g-i	74.25 k-q	12.5 a-d	0.93 n-t	47.14 s	387 306.43
H67	4.55 h-m	3.07 g-k	2.07 h-k	184.0 e-g	10.0 c-i	1.84 i-m	33.67 z-b ₁	342 115.09

Los promedios dentro de cada columna seguidos por la misma letra no son significativamente diferentes entre sí en función del nivel de probabilidad $p \leq 0.05$ para Tukey; LF: Longitud del Fruto, DF: Diámetro del Fruto, GP: Grosor del Pericarpio, NFP: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto, RTO: rendimiento, CC: Contenido de capsaicina, SHU: Unidades de picor de Scoville.

Análisis de las correlaciones de las variables cuantitativas en los híbridos F₁

La dirección y magnitud de la asociación fenotípica de las diferentes variables analizadas (Tabla 5.10), indican que las mejores correlaciones son: de la variable CC que tuvo una correlación alta y positiva con el LF ($r=0.300^*$), donde se expresa que los híbridos con mayor valor de capsaicina poseen mayor largo del fruto; el RTO presentó correlaciones altas y positivas con el PPF ($r=0.974^{**}$), NFP ($r=0.338^{**}$) y con el GP ($r=0.269^*$), lo que apunta a que los híbridos con alto número de frutos, peso y espesor promedio del fruto, pueden tener altos rendimientos. Para la variable PPF hay una correlación alta y positiva con el GP ($r=-0.302^*$), donde los genotipos con mayor PPF tuvieron menor espesor del fruto. Se encontraron dos correlaciones altas y negativas entre el GP con AP ($r=-0.321^*$) y con el LF ($r=-0.404^{**}$) las cuales son inversamente proporcionales, lo que indica que a medida que aumenta una, disminuye la otra. Otras correlaciones importantes fueron la del NFP con el LT ($r=0.395^{**}$), la del LF con AP ($r=-0.265^*$) y con ALH ($r=-0.326^*$), la de ALH con DT ($r=-0.416^{**}$) y con LLH ($r=0.836^{**}$), la de LLH con LT ($r=0.306^*$) y la de DT con LT ($r=0.350^*$).

Tabla 5.10. Correlación fenotípica entre los descriptores cuantitativos en híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense* Jacq.).

CORRELACIONES												
	AP	LT	DT	LLH	ALH	LF	DF	GP	NFP	PPF	RTO	CC
AP	1	-0.076	-0.105	-0.072	-0.096	<u>0.265*</u>	-0.033	<u>-0.321*</u>	-0.088	0.118	0.095	0.033
LT		1	<u>0.350**</u>	<u>0.306*</u>	0.209	0.052	0.017	0.015	<u>0.395**</u>	-0.217	-0.113	0.013
DT			1	0.241	<u>0.416**</u>	-0.108	<u>0.317*</u>	-0.166	0.013	-0.015	-0.013	0.182
LLH				1	<u>0.836**</u>	-0.127	-0.127	-0.117	0.199	-0.115	-0.046	0.014
ALH					1	<u>-0.326*</u>	0.029	0.004	0.059	-0.221	-0.169	0.054
LF						1	-0.192	<u>-0.404**</u>	0.067	0.191	0.198	<u>0.300*</u>
DF							1	0.031	0.176	-0.168	-0.150	0.026
GP								1	-0.028	<u>-0.302*</u>	<u>0.269*</u>	-0.040
NFP									1	0.164	<u>0.338**</u>	-0.106
PPF										1	<u>0.974**</u>	-0.074
RTO											1	-0.058
CC												1

*. La correlación es significativa al nivel 0.05 (unilateral), **. La correlación es significativa al nivel 0.01 (unilateral). AP: Altura de la planta (cm), LT: Longitud del tallo (cm), DT: Diámetro del tallo (cm), LLH: Longitud del limbo de la hoja (cm), DLH: Diámetro del limbo de la hoja (cm); LF: Longitud del Fruto (cm), DF: Diámetro del Fruto (cm), GP: Grosor del Pericarpio (mm), NFP: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto (g), RTO: rendimiento (Kg/Pta), CC: Contenido de capsaicina (mg/g de PS).

Análisis de componentes principales ACP en los híbridos F₁ obtenidos

Se utilizó ACP para examinar la variación de los 50 híbridos F₁. Los primeros cinco ejes representaron el 85.1% de la variabilidad (Tabla 5.11). La primera componente estuvo relacionada principalmente con el largo del fruto (LF), número de frutos por planta (NFP) y rendimiento (RTO); la segunda componente se relacionó con la longitud del limbo de la hoja (LLH), ancho del limbo de la hoja (ALH), largo del fruto (LF) y el contenido de capsaicina (CC); la tercera componente se correspondió con el grosor del pericarpio (GP); la cuarta componente con el largo del tallo (LT), diámetro del fruto (DF) y peso promedio del fruto (PPF), y la quinta componente con la altura de la planta (AP).

Tabla 5.11. Análisis de componentes principales señalando valores y vectores propios de 12 descriptores cuantitativos de plantas como de frutos, en híbridos F₁ de *C. chinense*.

CP					
Autovalores	1	2	3	4	5
Valores propios	1.762	1.328	1.163	1.057	0.938
% Varianza explicada	0.207	0.118	0.090	0.074	0.059
% Varianza acumulada	0.458	0.576	0.666	0.799	0.851
Autovectores					
AP (cm)	0.10560613	0.13609009	-0.41256178	-0.094248367	0.15135878
LT (cm)	-0.29878458	0.27185231	-0.11391377	0.305085788	-0.06583339
DT (cm)	-0.24550342	0.24847632	0.08937083	-0.270574505	-0.51963137
LLH (cm)	-0.35534665	0.34266705	0.13178416	-0.256068388	0.32579628
ALH (cm)	-0.42472084	0.23351690	0.18863211	-0.346158371	0.16695614
LF (cm)	0.23690551	0.22181839	-0.51833338	0.001350117	-0.01195390
DF (cm)	-0.13579884	-0.05102651	0.06399823	0.145741204	-0.68035544
GP (mm)	-0.16026742	-0.36807071	0.24364024	0.278342458	0.08089340
PPF (g)	-0.07823293	0.38201980	0.09153913	0.590852611	-0.03950372
NFP	0.42403633	0.35860704	0.29580386	-0.047275204	-0.03011147
RTO (Kg/Pta)	0.37674318	0.42128832	0.29296830	0.057648178	-0.01669993
CC (mg/g) PS	-0.03692452	0.35877802	-0.35583764	-0.276100614	-0.28420137

CP: Componente principal 1-5, AP: Altura de la planta, LT: Longitud del tallo, DT: Diámetro del tallo, LLH: Longitud limbo hoja, ALH: Ancho del limbo hoja, LF: Longitud del fruto, DF: Diámetro del fruto, GP: Grosor del Pericarpio, NFP: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto, RTO: Rendimiento, CC: Contenido de capsaicina.

Con respecto al resultado del análisis de componentes principales en los híbridos F_1 de chile habanero (Figura 5.1), se puede apreciar que en el cuadrante I se ubicaron los híbridos de mayores rendimientos y números de frutos por planta, así como peso promedio del fruto, coincidiendo con los resultados ya referidos.

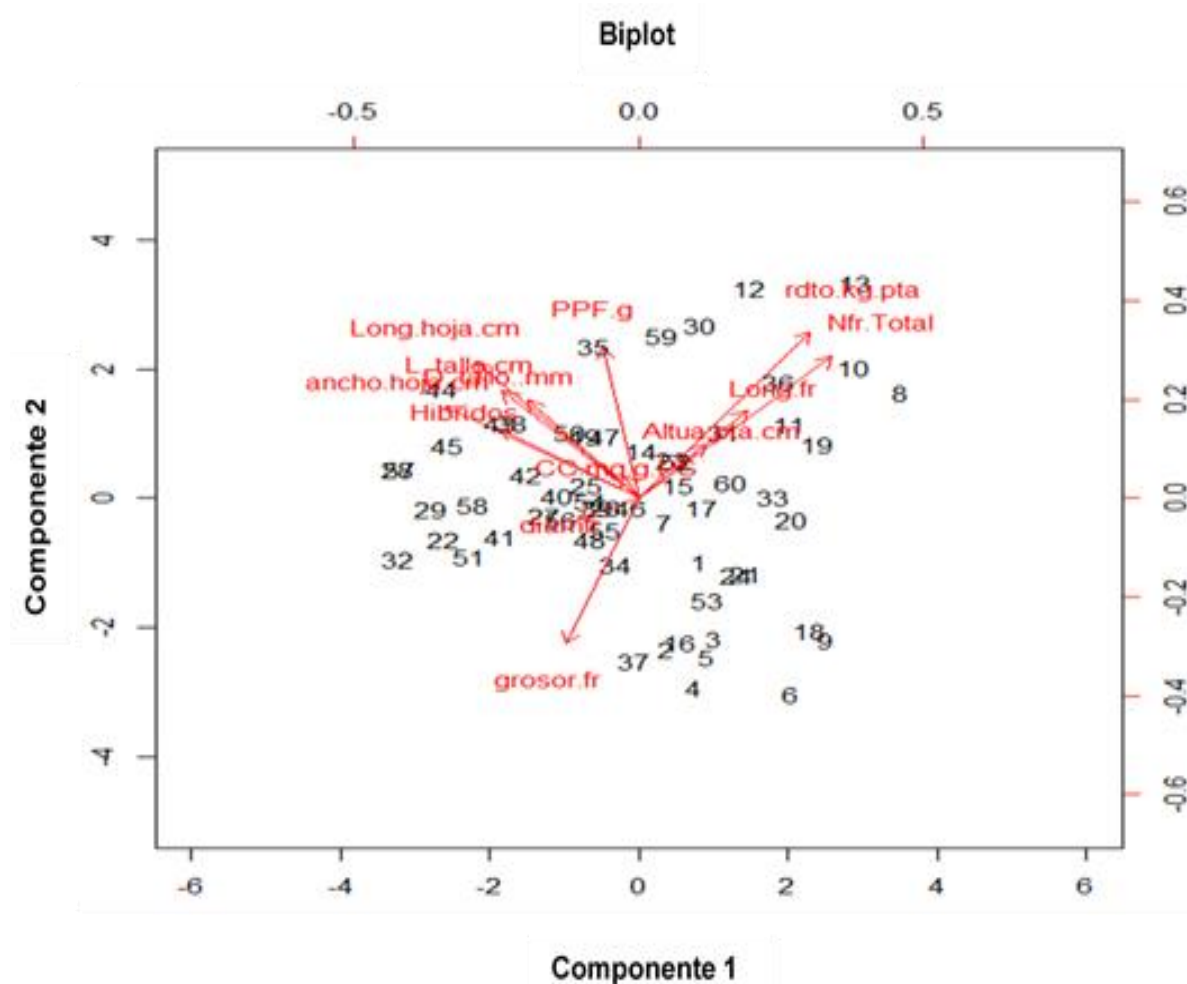


Figura 5.1. Análisis de componentes principales en híbridos F_1 de chile habanero (*C. chinense*) en base a 12 caracteres cuantitativos de la planta y del fruto. AP: Altura de la planta, LT: Longitud del tallo, DT: Diámetro del tallo, LLH: Longitud limbo hoja, ALH: Ancho del limbo hoja, LF: Longitud del fruto, DF: Diámetro del fruto, GP: Grosor del Pericarpio, NFP: Número de frutos por planta, PPF: Peso promedio del fruto, RTO: Rendimiento, CC: Contenido de capsaicina.

Análisis de conglomerados en los híbridos F_1 obtenidos

Para determinar la similitud jerárquica entre los 50 híbridos F_1 de *C. chinense*, se realizó un dendrograma de distancia genética, donde se utilizaron los datos del ACP con el criterio de Ward (Figura 5.2). Se obtuvieron cinco grupos, principalmente a base de descriptores de la planta y fruto. El grupo A conformado por tres híbridos F_1 y un progenitor, los cuales tres de

ellos presentaron los valores más altos en contenido de capsaicina (CC), donde uno de ellos es el progenitor P26. En el grupo B se ubicaron ocho híbridos y un progenitor, en el cual el Híbrido H35 y el progenitor P30 presentaron también los valores más altos en CC. En el grupo C se agruparon dos híbridos con los valores altos en NFP y valores medios en RTO; en el grupo D se agruparon nueve híbridos y un progenitor, de los cuales siete de ellos presentaron los valores más altos de RTO y el resto presentaron valores medios en RTO y mayor NFP. El grupo E se conformó por la mayoría de los híbridos restantes, un total de 35 híbridos F₁. De manera general, los grupos A y B son los que se recomiendan para la industria por sus valores de CC y los grupos C, D y E para consumo fresco, por sus rendimientos.

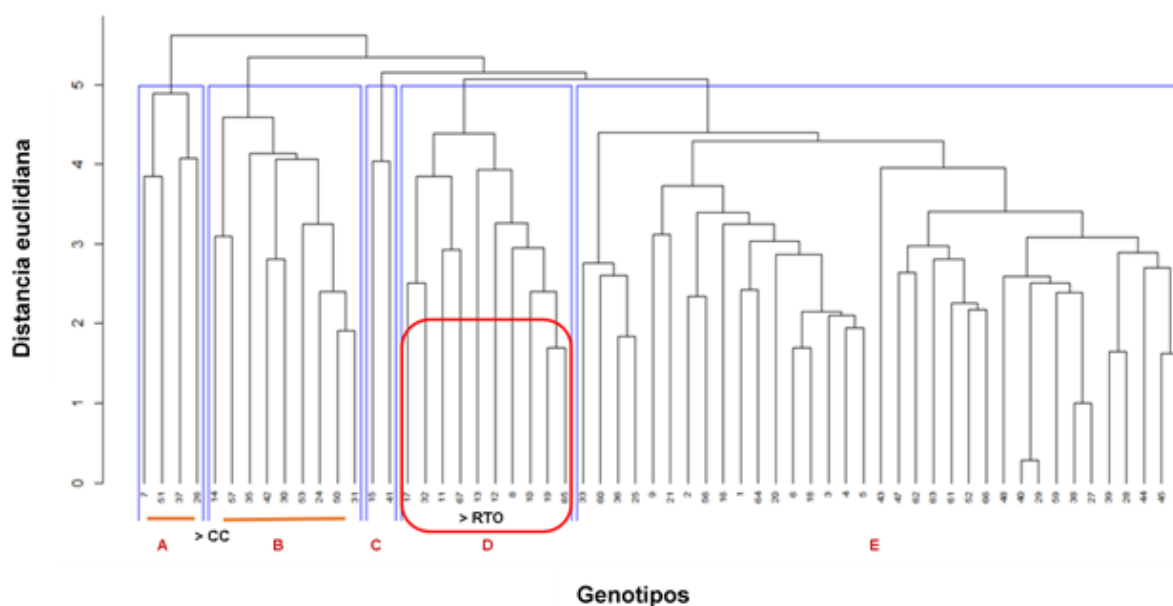


Figura 5.2. Dendrograma UPGMA utilizando el coeficiente de distancia euclidiana para representar el agrupamiento de los híbridos F₁ de Chile habanero (*C. chinense*). Grupos: A, B, C, D y E. Números del 1-21, 34-53, 56-67 (híbridos F₁).

En la Tabla 5.12, se muestran los valores promedio para las diferentes variables evaluadas, en base a los cinco grupos generados por el análisis de conglomerados. Los genotipos del grupo A presentaron los valores promedio más altos para las variables altura de la planta (AP) con 127.36 cm, largo del fruto (LF) con 5.60 cm y contenido de capsaicina (CC) con 100.23 mg/g de PS. El grupo B integrado por los genotipos de mayores valores para diámetro del tallo (DT) con 13.27 cm, longitud del limbo de la hoja (LLH) con 16.34 cm, ancho del limbo de la hoja (ALH) con 10.39 cm y en contenido de capsaicina con 60.22 mg/g de PS. El grupo C están dos genotipos que se caracterizan por tener mayor diámetro del fruto (DF) con 3.98 cm, mayor NFP con 232.73, un peso de 10.60 g y un rendimiento de 1.49 Kg/Pta; similar comportamiento lo presenta el grupo E. Con respecto al grupo D, estos alcanzaron los

mejores y mayores valores en rendimiento y sus componentes NFP y PPF, alcanzando los 3 Kg/Pta; de igual manera, este grupo se destaca también, en variables como AP y DT, respectivamente. Por tanto y coincidiendo con el resultado del dendrograma anterior, los grupos A y B se destacan por sus valores de CC y los grupos C, D y E, por sus rendimientos.

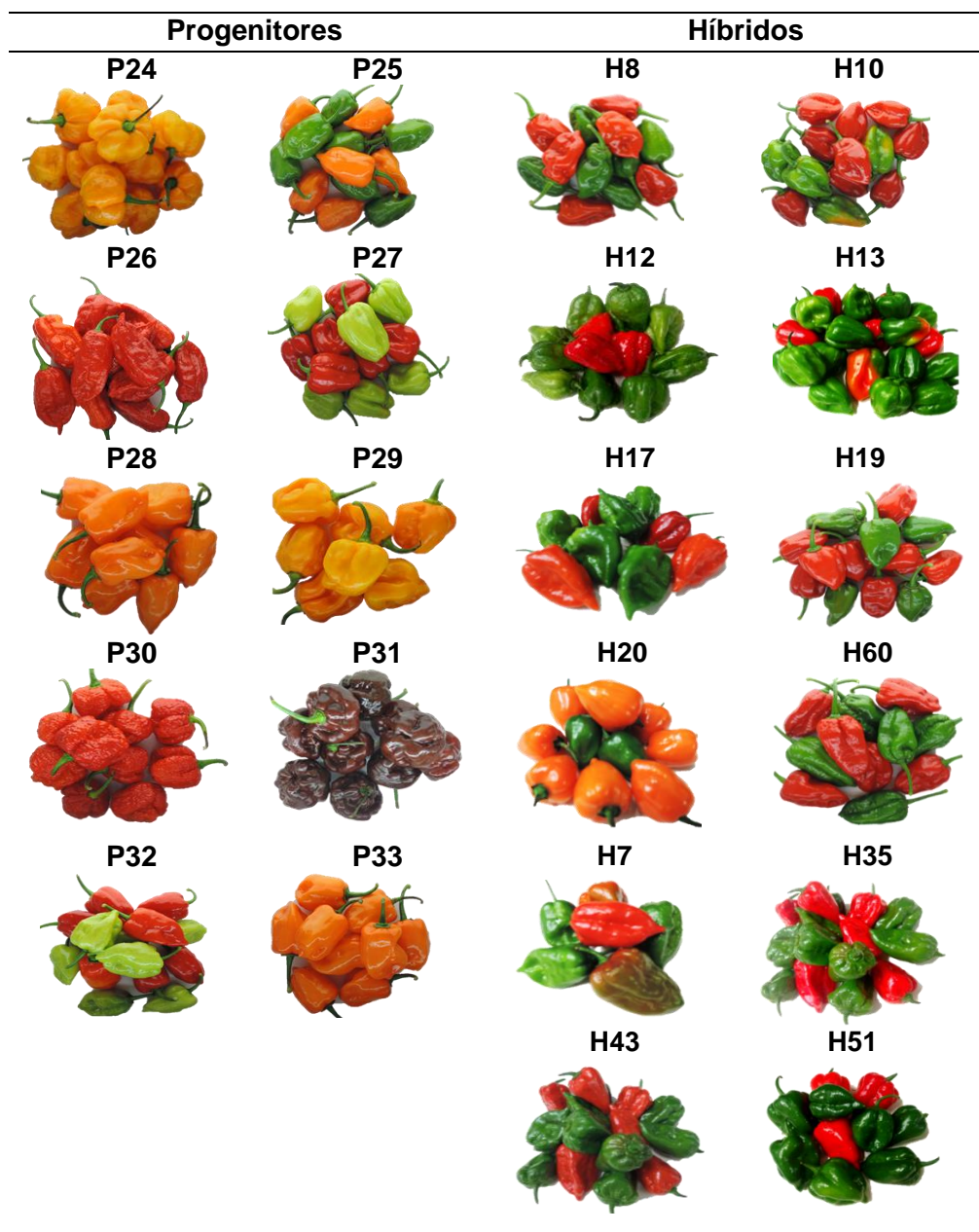
Tabla 5.12. Medias de las variables cuantitativas para cada uno grupos formados por el dendrograma, en híbridos F₁ de *C. chinense*.

GRUPOS	AP	LT	DT	LLH	ALH	LF	DF	GP	NFP	PPF	RTO	CC
A	127.36	53.23	11.18	13.55	7.12	5.60	3.08	2.60	67.5	8.64	0.53	100.23
B	83.78	46.76	13.27	16.34	10.39	3.55	3.53	2.88	65.12	8.97	0.63	60.22
C	98.23	52.47	13.00	10.71	6.43	3.53	3.98	2.58	232.75	10.60	1.49	55.66
D	102.84	55.80	11.55	14.23	7.95	5.21	3.39	2.00	294.92	10.87	3.00	52.39
E	90.91	55.21	10.36	12.69	7.72	4.31	3.39	3.58	108.65	10.93	1.12	45.84

Los números en negrita representan el valor más alto entre los grupos. AP: Altura de la planta (cm); LT: Largo del tallo (cm); DT: Diámetro del tallo (cm); LLH: Largo del limbo de la hoja (cm); ALH: Ancho del limbo de la hoja (cm); LF: Longitud del fruto (cm); DF: Diámetro del fruto (cm); GP: Grosor del Pericarpio (mm); NFP: Número de frutos por planta; PPF: Peso promedio del fruto (g); RTO: Rendimiento (Kg/Pta); CC: Contenido de capsaicina (mg/g de PS).

De manera general, se logró llegar a los resultados propuestos a través de este trabajo de tesis (Tabla 5.13). Se pudo obtener un híbrido naranja (H20) con rendimiento de 2.83 Kg/Pta y un híbrido (H35) con más de 1 millón de SHU. Se seleccionaron, además, siete híbridos rojos y uno naranja de chile habanero para consumo fresco por su alto rendimiento y cuatro híbridos F₁, para la industria con más de 900 000 SHU.

Tabla 5.13. Fenotipos de los frutos de los progenitores e híbridos evaluados de chile habanero (*C. chinense*).



Discusión

La diferencia entre los híbridos está fundamentada en los caracteres morfológicos tanto cualitativos como cuantitativos de la planta (IPGRI, 1995). Los resultados del análisis de las características cualitativas y cuantitativas evaluadas de los 50 híbridos de chile habanero revelaron una amplia diversidad genética. En cuanto a la variación en los rasgos cualitativos, el ACM explicó el 44.31% de la variabilidad total; resultados similares fueron los obtenidos por Peña-Yam (2020) y Muñoz-Ramírez (2020), en chile habanero donde reportaron un valor del 38.2 % de variabilidad. Por su lado, Castellón-Martínez *et al.* (2014) en su estudio de variación fenotípica de morfotipos de chile (*C. annuum* L.) nativo de Oaxaca, México, el ACM

mostró que las dos primeras dimensiones explicaron el 88.5 % de la variabilidad total para las variables cualitativas analizadas. Silva *et al.* (2013) en su estudio de identificación de descriptores de *Capsicum* spp indicaron que los primeros tres ejes en el ACM explicaron el 90 % de la variabilidad total asociada a cada eje; esto solo es posible debido a la considerable asociación entre las variables.

Con respecto al comportamiento de algunas variables, podemos decir que, para el CAN, más de la mitad de los genotipos presentaron esta coloración antociánica en el nudo, por lo contrario, autores como Bozokalfa *et al.* (2009) reportaron la ausencia de este carácter en 47 genotipos de los 48 estudiados de *C. annuum*, lo que sugiere que este rasgo pueda estar asociado a la especie. En el estudio realizado por Peña–Yam (2020) y Muñoz-Ramírez (2020), reportaron que el 45 % una forma de fruto (FF) fue triangular, el 60 % presentó una ondulación transversal media del fruto (OTF). El 100 % de los frutos presentaron un margen de la lámina foliar (MLF) ciliado, el 67.5 % de los frutos tuvieron una textura de la superficie lisa (TF). Por su lado, Fonseca *et al.*, (2008) en su estudio de caracterización morfológica y diversidad genética de accesiones *C. chinense* en la Amazonia, como resultado de la evaluación de las accesiones para los rasgos fruto, observaron el predominio de ciertas clases o valores, como el color rojo oscuro del fruto maduro (42 %), frutos triangulares (42.1 %) y superficie del fruto arrugado (42.1 %). Porcentajes más elevados en 21 descriptores fueron los que se reportaron en algunas de las variables analizadas, en el presente estudio.

Entre las características cualitativas, la dominancia del color rojo del fruto tuvo una marcada significación. Todos los híbridos mostraron este rasgo, independientemente del color del fruto de los progenitores femeninos. Esto coincide con lo encontrado en otro estudio en *Capsicum* (Stommel y Griesbach, 2008), donde la F₁ de un cruce entre una accesión con fruto naranja maduro y otra con fruto rojo maduro resultó roja. De igual forma, en otro estudio, donde se evaluó la variación de los rasgos del fruto en una colección de 252 accesiones de *C. chinense*, se descubrieron 156 (62 %) o color rojo (Bharath *et al.*, 2013), lo que indica que la herencia de este carácter es dominante.

El análisis de varianza en nuestro estudio reveló diferencias significativas para los 50 híbridos en los caracteres estudiados. Autores como Peña-Yam *et al.* (2019a) y Mishra *et al.* (2015) reportaron resultados similares, donde los cuadrados medios para cada uno de los caracteres fueron significativos, destacándose las componentes del rendimiento y esto puede deberse a diferencias en sus constituciones genéticas.

Según Casanova *et al.* (2019) y Castillo-Aguilar *et al.* (2015), con la germinación de cada uno de los materiales a sembrar, junto con un buen desarrollo de las plántulas en cepellón, se garantizaría al menos, más del 80 % de la producción en cualquier cultivo. Si se aplica a ambos procesos un manejo de calidad se maximizaría el uso de estas semillas que tienen valores altos en el mercado. En este sentido, Costa *et al.* (2009), reportaron valores de germinación por encima del 65-100% en pimiento dulce; Kivadasannavar *et al.* (2009) determinaron un 88.20 % de germinación en semillas híbridas de *Capsicum annuum*, así como Peña-Yam (2020), obtuvieron porcentajes de germinación por encima del 80 % en época de invierno (agosto-febrero) y entre 12.5 y 80 % para época de primavera verano (marzo a julio) en chile habanero. Resultados similares (85 % de germinación) fueron los obtenidos en nuestro experimento.

Las plántulas en los híbridos obtenidos, tuvieron un comportamiento similar al de los progenitores en cuanto a vigor, y alcanzaron los valores que se definen en los instructivos técnicos para el cultivo del chile habanero (Villa-Castorena *et al.*, 2014), Incluso en nuestro caso, las plántulas alcanzaron un crecimiento y desarrollo superior a lo recomendando, enfatizando su buen estado morfológico.

El estudio de la fenología del cultivo brinda el momento exacto en que se debe plantar una variedad (Casanova *et al.*, 2019). Las variables fenológicas de mayor influencia, en el cultivo del chile, son los días a floración y fructificación, pues nos dan la medida de cuánto podemos llegar a obtener en producción, así como estimar el rendimiento (Martínez-Martínez *et al.*, 2014). En este sentido, trabajos como el de Peña-Yam (2020), muestran la superioridad de los híbridos con respecto a sus progenitores en estas etapas de desarrollo del cultivo. Resultados similares fueron encontrados por otros autores como Jeeatid *et al.* (2018) en híbridos de chile habanero; Ayala (2015) en híbridos de chile manzano; Silva *et al.* (2013) en germoplasma de *Capsicum* y Moreno-Pérez *et al.* (2011), en híbridos de pimiento morrón. Esto se pudo evidenciar en nuestro trabajo donde 18 F₁ de los 50 evaluados, resultaron ser los más precoces al iniciar su floración a los 32-33 días, lo que favorecerá a la siembra escalonada en el campo.

En la variación de los rasgos cuantitativos, nuestros resultados coincidieron con varios autores donde se mostró la alta variabilidad de cada uno de los híbridos en las variables estudiadas; como por ejemplo los resultados de Bianchi *et al.* (2016), los cuales recolectaron 15 caracteres morfofisiológicos y de rendimiento, para 14 accesiones de chile del género *Capsicum*, en dos temporadas de siembra, donde encontraron una altura promedio de 103.13 cm, y un diámetro del tallo entre 1.24 a 1.64 mm. Las diferentes variaciones encontradas

entre los caracteres de crecimiento estudiados por estos autores pueden deberse a diferencias en sus constituciones genéticas. Por su lado, Gutiérrez (2017), en su estudio de seis genotipos de chile (*Capsicum annuum* L.) mencionó que la altura de la planta es una característica relacionada con el rendimiento; lo cual coincide con nuestros resultados en el que se muestra que los híbridos de mayor altura de la planta están relacionados con los de mayores rendimientos. Bento *et al.* (2016) en su estudio de determinación de la herencia de rasgos agronómicos en *Capsicum baccatum* y Peña-Yam (2020), en chile habanero, mencionaron que las plantas de la generación F₁ presentaron los datos medios más altos con respecto a los de sus progenitores. Resultados similares se encontraron en nuestro trabajo, donde un grupo de ocho híbridos resultaron ser los mejores para el rendimiento y cuatro, para contenido de capsaicina.

Considerando el análisis de correlación, los descriptores cuantitativos tanto de planta como de frutos reflejaron la relación mutua entre estas variables estudiadas. En este sentido autores como Siczko *et al.* (2015) en fresa, encontraron correlación positiva ($r=0.42^{**}$) entre tamaño de fruto y capacidad de rendimiento. Por su lado, Sharma *et al.* (2010) coincidieron que las altas correlaciones obtenidas en términos de peso de fruto, largo y ancho se observaron en las líneas pimiento de mayor rendimiento, lo que es una indicación de que estos rasgos podrían usarse para desarrollar un genotipo superior; cuestión está que fue reportada por otros autores como Peña-Yam *et al.* (2019a) en chile habanero, Ridzuan *et al.* (2018) en genotipo de *C. annuum*, y Monge-Pérez *et al.* (2014) en tomate. La correlación de las variables de arquitectura de planta con las variables de fruto se define positiva entre rendimiento de fruto, número de frutos y altura de planta para especies como *C. frutescens*. Se mostró, además, correlación entre la variable longitud de fruto directamente proporcional con ancho de fruto y peso de fruto (Muñoz, 2016). Resultados similares se encontraron en nuestro trabajo, lo que denota una influencia directa de la estructura de la planta en el buen desarrollo del fruto, demostrando así, la relación que existen entre ellas y que el manejo del cultivo juega un rol importante en el mejor desarrollo del cultivo.

Autores como Castañón-Nájera *et al.* (2008) encontraron una diversidad genética considerable al analizar el ACP y conglomerados, la variación de caracteres relacionados con el rendimiento en genotipos de *Capsicum* spp. Muñoz (2016), utilizó 50 descriptores morfológicos del IPGRI, donde 12 caracteres entre estructura de planta, estructura reproductivas y caracteres de fruto, explicaron el 76.96 % de la variabilidad observada entre la colección de *Capsicum* evaluada. Por su lado, Palacios-Castro y García-Dávil, (2008), en su estudio de la caracterización morfológica de 93 accesiones de *Capsicum* spp, utilizaron 21 descriptores IBPGR (seis cuantitativos y 15 cualitativos; ocho de caracteres vegetativos, tres

de flor y 10 de fruto y semilla), y la caracterización morfológica confirmó la variabilidad dentro del género, en especial los descriptores de arquitectura de planta, estructuras reproductivas y producción, que explicaron el 78% de la variabilidad total (ACP). En nuestro caso, se utilizaron 38 descriptores (23 cualitativos y 13 cuantitativos) para chile habanero, que explicaron el 85.1 % de la variabilidad dentro de la misma especie.

Según López-Castilla (2018), en un estudio sobre el género *Capsicum*, en el estado de Campeche, para las variables cuantitativas, el 84.4 % de la variabilidad total fue explicada por altura y ancho de planta, longitud de tallo, longitud de filamento, largo y ancho del fruto, diámetro de la semilla y largo y ancho de la hoja. Mientras que, para las variables cualitativas, el 77,35 % de la variación se debió al margen de la lámina de la hoja, el color de la corola, el color del filamento, la unión del pedicelo a la fruta, color de la semilla, tamaño de semilla y número de semillas por fruto.

Con respecto al dendrograma arrojado por el ACP, autores como Palacios-Castro y García-Dávila (2008), lograron la formación de cuatro grupos con base al origen de las accesiones y caracteres de flor y de fruto, pero no discriminó entre especies. Las cortas distancias genéticas resultantes del análisis de discriminante entre *C. annuum*, *C. frutescens* y *C. chinense*, indicaron que conforman un solo grupo morfológico. También Muñoz (2016) en *Capsicum*, y Moreno (2015) en chile habanero, reportaron tres grupos con base al origen de las accesiones y caracteres de cuantitativos de planta y fruto. Nuestro trabajo reflejó la aparición de cinco grupos bien formados dentro de los genotipos de *C. chinense*, los cuales permitirán la selección de híbridos para emplearse en el sistema productivo.

Una de las características más atractivas del chile habanero, tanto para consumo en fresco como para uso industrial, es su alto contenido de capsaicina. Sin embargo, las variedades del sureste de México son consideradas las más picantes del mundo, debido a que su picor oscila entre 145 950 y 892 719 SHU (Canto-Flick *et al.*, 2008). En este sentido, las variedades habanero presentaron mayores niveles de pungencia entre 150 000 – 210 000 SHU, mientras que las variedades Tabasco reportaron 120 000 unidades scoville; por tanto, estos autores recomendaron este agrupamiento para accesiones con importante valor de conservación. (Fabela-Morón *et al.*, 2020). En nuestro caso, también en el cuadrante II se localizaron los híbridos de mayor PPF y CC, se reportaron valores entre 900 000–1 048 419.92 SHU, los que se tendrán en cuenta para futuros trabajos de mejora. Muchos híbridos demostraron valores altos para este rasgo en este estudio, demostrando una vez más que la selección de progenitores masculinos con alto contenido de capsaicina es fundamental para amplificar este rasgo en la progenie.

Con base en los resultados de este capítulo, podemos destacar que los híbridos obtenidos con el probador masculino RNJ-04 (P26) tuvieron una superioridad significativa sobre el resto de los cruces en cuanto a SCA y H, para la mayoría de las variables analizadas, así como para YP y sus componentes. Por lo tanto, este progenitor debe ser considerado uno de los más importantes para futuros trabajos de mejoramiento, y también corroboramos nuestra hipótesis de ganancia genética al obtener híbridos con resultados satisfactorios. De los híbridos obtenidos el 68.5 % de los frutos fueron de color rojo, lo que indica que este carácter es dominante. En los frutos en estado inmaduro, el color predominante fue el verde; el 60 % de los híbridos tuvieron una epidermis semirrugosa y el 55 % de los frutos tuvieron una forma triangular. El 68.3 % de los híbridos tiene el pistilo exserto.

El análisis de componentes principales para los progenitores empleados muestran que las primeras tres componentes extrajeron el 85.1 % de la variación total, siendo las variables NFP, PPF y RTO las que ubicaron los progenitores P25, P31 y P33 de mejores rendimientos y las de mayores resultados en contenido de capsaicina fueron para P26 y P30; en el caso de los híbridos, las primeras cinco componentes extrajeron el 85.1 % de la variación total, siendo en la componente I la que agrupó los híbridos de mayor LF, NFP y RTO (H8, H10, H12, H13, H17, 19, H20 y H60), así como la componente II agrupó los híbridos de mayor PPF y CC (H7, H35, H43 y H51).

El análisis de conglomerados permitió la formación de cinco grupos entre los progenitores, donde los grupos A, B y C se proponen en la obtención de híbridos para consumo fresco por sus altos rendimiento y los del grupo D y E, para la industria por su alto contenido de capsaicina; en el caso de los híbridos se formaron cinco grupos también, de los cuales el grupo D agrupó los híbridos de mejores RTO, y los grupos A y B agruparon los híbridos de mayor CC.

Se proponen ocho híbridos F_1 de chile habanero para consumo fresco y cuatro híbridos F_1 , para la industria (Figura 12).



H8
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **5.39x3.51 cm**
 -PPF: 11 g
 -NFP: 391
 -RTO: 4.29 Kg/Pta
 -CC: 69.40 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H10
 -Color en estado inmaduro **Verde tenue**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **4.70x3.61 cm**
 -PPF: 12 g
 -NFP: 309
 -RTO: 3.71 Kg/Pta
 -CC: 82.52 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H12
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **5.63x3.60 cm**
 -PPF: 9.92 g
 -NFP: 288
 -RTO: 2.86 Kg/Pta
 -CC: 83.20 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H13
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **4.78x3.27 cm**
 -PPF: 10.25 g
 -NFP: 482
 -RTO: 4.92 Kg/Pta
 -CC: 48.12 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H17
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **6.52x3.60 cm**
 -PPF: 12.25 g
 -NFP: 280
 -RTO: 3.43 Kg/Pta
 -CC: 31.75 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H19
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **4.40x3.30 cm**
 -PPF: 11 g
 -NFP: 285
 -RTO: 3.13 Kg/Pta
 -CC: 47.89 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H20
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Naranja**
 -Dimensiones **4.22x3.52 cm**
 -PPF: 10.5 g
 -NFP: 267
 -RTO: 2.81 Kg/Pta
 -CC: 32.78 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H60
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **4.55x3.60 cm**
 -PPF: 12.5 g
 -NFP: 271
 -RTO: 3.36 Kg/Pta
 -CC: 93.80 mg/g de PS
 -Destino: **Consumo fresco**



H7
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **6.37x4.65 cm**
 -PPF: 9.82 g
 -NFP: 104
 -RTO: 1.04 Kg/Pta
 -CC: 128.41 mg/g de PS
 -Destino: **Industria**



H35
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **3.25x4.05 cm**
 -PPF: 11.25 g
 -NFP: 69
 -RTO: 0.69 Kg/Pta
 -CC: 132.34 mg/g de PS
 -Destino: **Industria**



H43
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **5.20x3.32 cm**
 -PPF: 13 g
 -NFP: 25
 -RTO: 0.30 Kg/Pta
 -CC: 114.39 mg/g de PS
 -Destino: **Industria**



H51
 -Color en estado inmaduro **Verde oscuro**
 -Color en estado maduro **Rojo**
 -Dimensiones **5.02x3.40 cm**
 -PPF: 12.25 g
 -NFP: 64
 -RTO: 0.46 Kg/Pta
 -CC: 110.61 mg/g de PS
 -Destino: **Industria**

Figura 5.3. Híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*) recomendados para consumo fresco y para la industria.

CAPÍTULO VI. VARIACIÓN MOLECULAR EN PROGENITORES E HÍBRIDOS F₁ DE CHILE HABANERO (*C. chinense* Jacq.).

ESTE CAPÍTULO HA SIDO ACEPTADO EN LA REVISTA PLANT BREEDING.

Introducción

La estimación de la diversidad genética en un cultivo resulta de gran importancia en los programas de mejoramiento genético (Carvalho *et al.*, 2014). Para ello se requiere conocer la variabilidad genética verdaderamente disponible, para lo cual han resultado de gran utilidad el empleo de las tecnologías basados en los marcadores de DNA. Los marcadores moleculares permiten identificar altos niveles de polimorfismo, son neutrales, y pueden aplicarse en cualquier estado de desarrollo de una planta (López-Espinosa *et al.*, 2018).

En *C. chinense* se ha documentado la presencia de una amplia diversidad intraespecífica que se expresa en las diferentes formas, tamaños, colores, sabores y grados de pungencia de sus variedades (Bharath *et al.*, 2013). Diversos estudios han revelado la existencia de una amplia diversidad morfológica de chiles regionales en Yucatán (Canto-Flick, 2007). De igual manera se han utilizado con este fin marcadores moleculares en el género *Capsicum* (Herrera, 2013; Ince *et al.*, 2010; Nagy *et al.*, 2007). En algunos de estos estudios se ha puesto en evidencia un bajo nivel de polimorfismo molecular (Nagy *et al.*, 2007). Sin embargo, en los resultados de los estudios moleculares realizados en 14 accesiones de chile habanero, cultivados en Yucatán, empleando marcadores SSR como ISSR, se constató mayores niveles de diversidad genética, que les permitieron distinguir entre y dentro de diferentes tipos de chiles habaneros (Herrera, 2013)

Sin embargo, pese a los estudios realizados, no se cuenta aún con suficiente información sobre la variabilidad genética presente en las variedades cultivadas en Yucatán (Montalvo-Peniche, 2007), por lo que se propuso desarrollar el presente trabajo con el fin de evaluar la diversidad genética disponible con fines de contribuir a los trabajos de mejoramiento genético que se desarrollan actualmente en chile habanero.

Materiales y Métodos

Selección del material vegetal: El material vegetal (muestras foliares) estuvo conformado por 10 progenitores, pertenecientes al Banco de germoplasma del laboratorio 9 de la UBBMP del CICY. Estos fueron seleccionados con base a sus características agronómicas sobresalientes, detectadas en estudios previos por diversos autores (Peña-Yam *et al.*, 2019; Santana-Buzzy *et al.*, 2018), y en 18 híbridos F₁ de chile habanero, resultantes de los cruzamientos realizados entre los progenitores seleccionados. Las semillas de estos materiales fueron previamente germinadas bajo condiciones protegidas de invernadero, con el fin de coleccionar tres muestras de hojas de cinco plantas de 45 días de sembrado provenientes de cada genotipo en estudio. Todas las muestras se congelaron a -80°C, para su uso posterior.

Extracción de DNA genómico: Para la extracción de DNA genómico se utilizó el protocolo reportado por Tapia-Tussell *et al.* (2005) (Anexo 6).

Calidad e integridad del DNA: Se evaluó la calidad e integridad del DNA, por electroforesis en geles de agarosa al 0.8% (p/v), teñidos con bromuro de etidio y visualizado en un transiluminador de luz UV (BIORAD Gel Doc EZ Imager, California, EE. UU.). La concentración y pureza del DNA genómico se determinó mediante la lectura de absorbancia a 260 y 280 nm, en un espectrofotómetro (Nanodrop 2000, Madrid, España). Luego, el DNA se diluyó a 20 ng/μL. Una vez obtenido las muestras de DNA se conservaron a 4°C para su posterior análisis. Con el fin de verificar que las muestras de DNA de chile habanero estuviesen libres de inhibidores, se realizaron reacciones de PCR con los iniciadores 16S1/16S2 específicos para cloroplastos (un gen endógeno), que amplificaron una región del gen ribosomal 16S que generó un producto de 330 pb (Trejo-Saavedra, 2002).

Amplificación por SSR. Se seleccionaron un total de ocho pares de iniciadores SSR, de los cuales tres (AGi096, AGi101 y AGi104) fueron obtenidos de secuencias aisladas del genoma nuclear de *C. annuum*, por Ince *et al.* (2010) y los cinco pares de iniciadores restantes evaluados (EPMS305, EPMS387, GPMS113, GPMS202 y EPMS402) fueron desarrollados por Nagy *et al.* (2007). Dos de ellos (GPMS113 y GPMS202), provinieron de una biblioteca genómica de *C. annuum* y los otros tres (EPMS305, EPMS387 y EPMS402) procedían de una base de datos de secuencias del género *Capsicum*.

La amplificación de los tres iniciadores descrito por Ince *et al.* (2010) se realizó en un volumen de reacción de 25 μ l, que contenían 80 ng de DNA genómico molde, 0.5 μ M de cada par de iniciadores, 1X de buffer PCR (Invitrogen, Carlsbad, CA, EE. UU.) (20 mM Tris-HCl, 50 mM KCl, pH 8.4), 0.28 mM de dNTPs (Invitrogen), 3 mM MgCl₂ (Invitrogen), y 2U de Taq DNA polimerasa (Recombinante) (Invitrogen). Los Touch-down Td-PCRs se realizaron en un termociclador Thermal cycler 2720 (Applied Biosystems), mediante el siguiente programa de amplificación: 3 min de calentamiento a 94°C, seguido por 10 ciclos de 20s a 94°C de desnaturalización, 30s a 60°C, para el alineamiento y 1 min de extensión a 72°C. La temperatura de alineamiento se redujo en 0.5°C por ciclo, en los 10 primeros ciclos de amplificación. La amplificación continuó durante otros 30 ciclos a una temperatura constante de 55°C a 30s., en el alineamiento y el resto de los parámetros de la PCR permanecieron sin cambios, con una extensión final de 10 min a 72°C (Ince *et al.*, 2010). Por cada reacción de amplificación se analizaron las 28 muestras por iniciador con dos repeticiones.

Las condiciones de reacción, para los restantes cinco iniciadores, desarrollados por Nagy *et al.* (2007) fueron las siguientes. Se empleó un volumen final de reacción de 25 μ L, que contenían 80ng de DNA genómico molde, 1X de buffer PCR (Invitrogen) (20 mM Tris-HCl, 50 mM KCl, pH 8.4), 0.20 mM de dNTPs (Invitrogen), 2.5 mM MgCl₂ (Invitrogen), 0.5 μ M de cada par de iniciadores y 1U de Taq DNA polimerasa (Recombinante) (Invitrogen). La reacción de amplificación se realizó en el termociclador Thermal cycler 2720 (Applied Biosystems), mediante el siguiente programa de amplificación: un paso de desnaturalización inicial a 94°C por 3 min., seguido de 35 ciclos a 92°C por 1 min., 60°C por 1 min. y una extensión a 72°C por 1 min., la reacción fue terminada con un último paso de extensión a 72°C por 7 min. Para cada reacción de amplificación se analizaron 28 muestras por iniciador, con dos repeticiones.

Amplificación por ISSR: En caso de los intermicrosatélites ISSR universales se seleccionaron los nueve iniciadores (IS04, IS05, IS09, IS10, IS14, IS15, IS16, IS19, and IS21) empleados por Zhao *et al.* (2006), en estudios de diversidad genética de diferentes especies de *Capsicum* spp. Las reacciones de PCR se realizaron en un volumen final de 25 μ L, conteniendo 50 ng de DNA genómico molde, 1X de tampón dePCR (Invitrogen) (20 mM Tris-HCL, 50 mM KCL, pH 8.4), 2.5 mM de MgCl₂ (Invitrogen), 0.20mM de dNTPs (Invitrogen), 1 μ M de cada iniciador y 1U de Taq DNA polimerasa (Recombinante) (Invitrogen). La amplificación se realizó en un termociclador Thermal cycler 2720 (Applied Biosystems) mediante el siguiente programa de amplificación: un paso de desnaturalización inicial a 94 °C por 2 min., seguido de 36 ciclos a 94°C por 40s.

Las temperaturas de alineamiento empleadas para cada uno de los iniciadores utilizados fueron: IS04 (52°C), IS05 (49°C), IS09 (56°C), IS10 (49°C), IS14 (54°C), IS15 (56°C), IS16 (54°C), IS19 (54°C), and IS21 (56°C), por 45s seguidos luego por un paso de extensión a 72°C por 1.30 min., y una extensión final de 72°C por 7 min. Para cada reacción de amplificación se analizaron 28 muestras, por cada iniciador seleccionado, con dos repeticiones.

Electroforesis de geles de agarosa: Todos los fragmentos obtenidos con los SSR e ISSR fueron separados en geles de agarosa al 2 % en 0,1X de tampón TBE (Tris hidroximetil aminometano (Tris - HCl) 0.04 M; ácido etilendiamino-tetraacético (EDTA) 1mM; ácido bórico 0.04 M; pH 8), a 100 v (Voltaje constante) por 60 min utilizando un tampón Tris-Glycine (TG) 1X. Las bandas se visualizaron por tinción con bromuro de etidio al 8.5 %, en un transiluminador de luz UV (BIO- RAD Gel Doc Ez Imager). Para determinar el peso molecular de los fragmentos amplificados se empleó el marcador de peso molecular de DNA de 1Kb plus (Invitrogen).

Electroforesis de geles de acrilamida: Los fragmentos amplificados con los iniciadores ISSR seleccionados (IS04, IS09, IS10) fueron separados en geles de poliacrilamida al 6 %, en una proporción de 29:1 (acrilamida: bisacrilamida). Las muestras se separaron a un voltaje constante de 100 V, por 5 horas, utilizando un tampón Tris-Glycine (TG) 1X. El revelado se realizó mediante la técnica de tinción con plata.

Análisis de la variabilidad genética: Los datos de PCR se registraron como variables discretas, utilizando los valores "1" para indicar la presencia y "0" para indicar la ausencia de los fragmentos amplificados. Los datos binarios obtenidos de los perfiles SSR e ISSR, tanto de forma individual como acumulativa, se emplearon en el análisis de conglomerado empleando el coeficiente de Jaccard (Jaccard, 1908) y el método de grupos de pares no ponderados con media aritmética (UPGMA). Se empleó para ello el módulo de agrupamiento secuencial aglomerativo jerárquico y anidado (SAHN) del software NTSYSpc, versión 2.02e (Rohlf, 2000). Se determinó asimismo con los datos obtenidos los valores del contenido de información polimórfica (CIP), de acuerdo con la ecuación desarrollada por Anderson *et al.* (1992).

Resultados

Los resultados de la variación alélica y el contenido de información polimórfica obtenida con los dos marcadores moleculares examinados se muestran en la Tabla 6.1. Se constató un total de 101 alelos SSR, con un promedio de aproximadamente 13 alelos por cada par de iniciador evaluado. Con los marcadores ISSR, se detectaron 160 alelos, con un promedio de 18 alelos por iniciador. Los resultados mostraron que todos los iniciadores SSR e ISSR empleados en este estudio resultaron informativos (polimórficos). El contenido de información polimórfica (CIP) para SSR osciló entre 0.49 (AGi104) y 0.90 (AGi111), mientras que para ISSR, osciló entre 0.34 (IS04) y 0.83 (IS15).

Tabla 6.1. Variación alélica y contenido de información polimórfica (CIP) obtenidos con los marcadores moleculares examinados.

Iniciadores	Número de bandas amplificadas	Número de bandas polimórficas	Tamaño del alelo	Alelo de mayor frecuencia		CIP
			Rango (bp)	Tamaño (bp)	Frecuencia (%)	
SSR						
AGi096	5	5	120-170	160	60.7	0.86
AGi101	6	6	140-210	210	53.5	0.90
AGi104	7	5	250-2500	350	96.4	0.49
EPMS305	20	20	70-1000	550	96.4	0.65
				850		
EPMS387	15	15	100-1150	1000	96.4	0.77
GPMS113	27	25	110-1000	155	85.7	0.80
GPMS202	13	12	80-1750	180	78.5	0.74
EPMS402	8	8	40-650	220	92.8	0.69
Total	101	96	40-2500	-	-	-
Promedio	13	12	-	-	82.5	0.74
ISSR						
IS04	7	5	280-825	825	89.2	0.34
IS05	11	10	320-850	650	96.4	0.35
IS09	23	13	240-1850	625	96.4	0.36
				750		
IS10	23	23	320-2500	320	96.4	0.52
				460		
				775		
				1200		
				1500		
				1800		
IS14	12	9	200-1650	625	82.1	0.54
				750		
IS15	28	27	280-2000	430	96.4	0.83
IS16	18	9	250-1800	875	92.8	0.35
IS19	22	18	400-2900	420	82.1	0.64
				1650		
IS21	16	16	320-2000	825	96.4	0.79
				975		

CAPÍTULO VI

Total	160	130	200-2900	-	-	-
Promedio	18	14	-	-	92.0	0.53

CIP: contenido de información polimórfica, pb: par de bases. Los valores medios, en el caso de las bandas amplificadas, se redondearon al número más próximo.

En la Figura 6 se muestran tres ejemplos de perfiles de amplificación de progenitores y sus respectivos híbridos F₁ de chile habanero obtenidos mediante el uso del iniciador SSR-387 de Nagy *et al.*, (2006), y de los iniciadores SSR-096 y SSR-104 de Ince *et al.*, (2010). Los perfiles de los híbridos (H8, H10 y H60) que se muestran en esta figura se corresponden con los que presentaron un mayor rendimiento (3.36 a 4.29 Kg/Pta). A partir de los datos de las matrices de ausencia-presencia se estableció el dendrograma de las 28 muestras en estudio (Figura 6.1). En el mismo se observa una clara separación entre progenitores e híbridos. El análisis molecular reveló similitudes genéticas del 83 al 93% entre los progenitores evaluados. Los más parecidos (93%) fueron P25 y P28, mientras que el más diferente fue P24, con un 83% de similitud genética con el resto de los progenitores.

Entre los híbridos, se constató una similitud genética entre el 76 y el 94 %. El híbrido H7 se destacó como el más diferente de los demás (en la mayoría de los casos hasta un 18 % de diferencia), mientras que los híbridos H62 y H66 compartieron un 94 % de similitud genética. Con solo cuatro excepciones, todos los híbridos con sus respectivos progenitores masculinos P26 se agruparon en el mismo grupo (Grupo IB), con una diferencia genética del 32% con el resto de los híbridos evaluados. Los híbridos (Grupo IB), correspondieron a los híbridos de mayor rendimiento, con piel lisa, frutos con ápices en forma puntiaguda (híbridos de 12% naranja y 30% rojo).

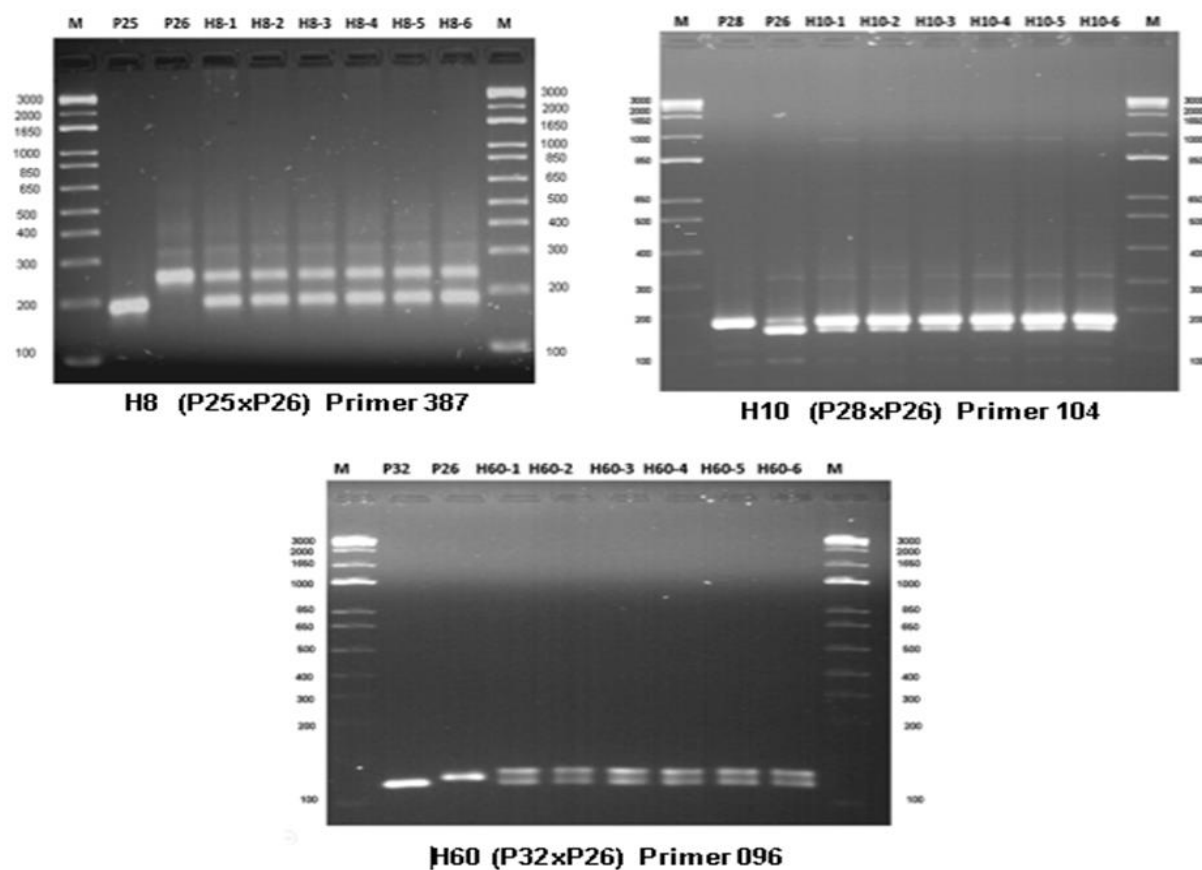


Figura 6. Perfiles SSR de progenitores e híbridos F_1 de chile habanero, separados en 2% de gel de agarosa A) Perfiles de Progenitores e híbridos H8 amplificado con el Iniciador 387; B) Perfiles de Progenitores e híbridos H10 amplificado con el Iniciador 104; C) Perfiles de Progenitores e híbridos H60 amplificado con el Iniciador 096. M: marcador molecular de 1 Kb; P: Padres; H: Híbridos F_1 . La primera línea corresponde al progenitor femenino, la segunda línea al progenitor masculino y las líneas restantes corresponden a híbridos F_1 .

Por otro lado, los híbridos distribuidos en los grupos (IIA y IIB) tuvieron entre ellos un 76% de similitud. En este grupo se agruparon los híbridos con mayor contenido de capsaicina y otros con buenos rendimientos. Los híbridos de este grupo se caracterizaron por sus frutos predominantemente rojos que presentaron una epidermis de tipo semirrugoso y rugoso.

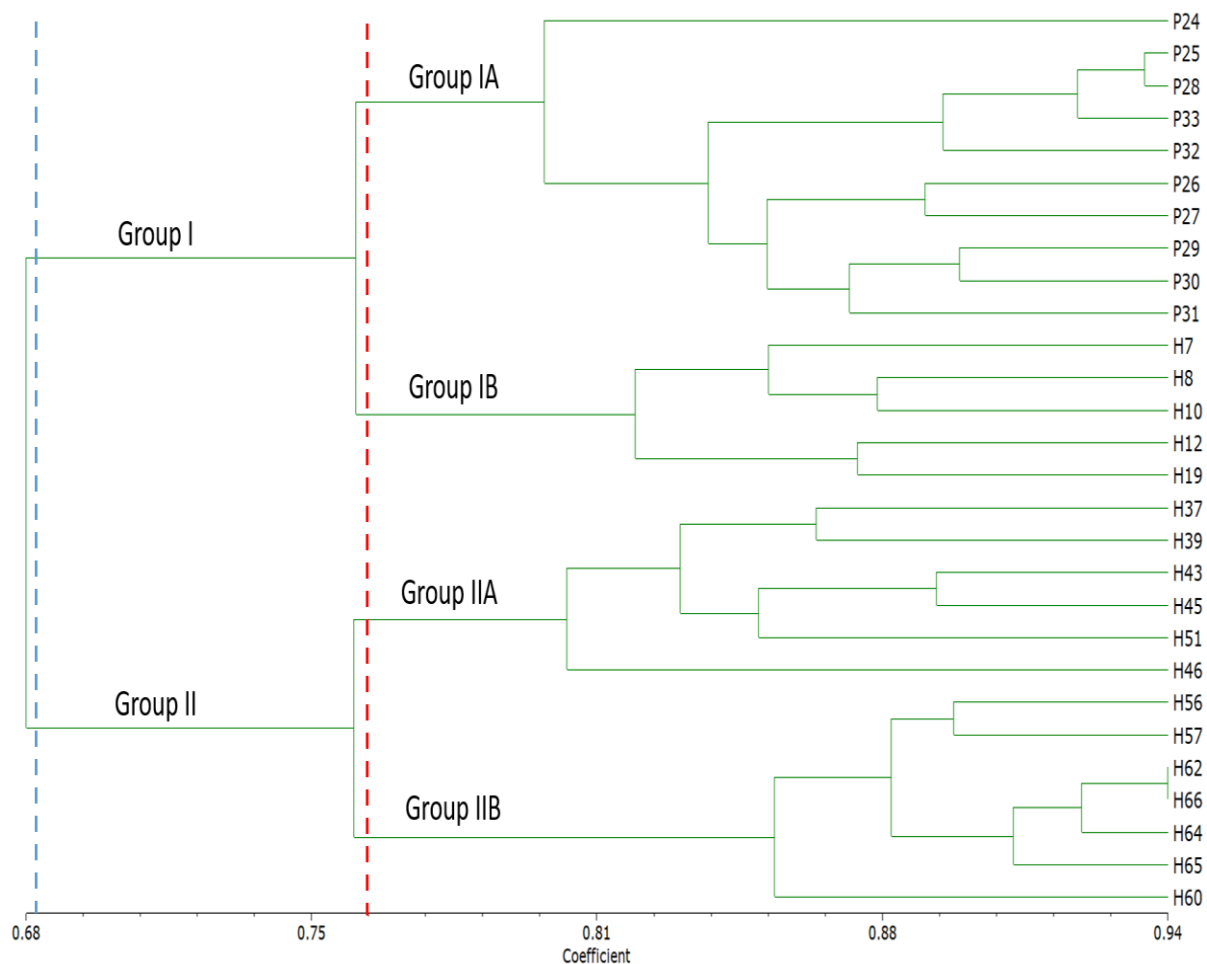


Figura 6.1. Dendrograma UPGMA de progenitores e híbridos F₁ obtenidos de datos consensuado de SSR e ISSR basado en el coeficiente de Jaccard. Grupos I y II.

En cuanto al trabajo con los marcadores ISSR, estos no fueron muy resolutivos a la hora de analizar y demostrar la heterogeneidad de los progenitores y sus híbridos (Figura 6.2).

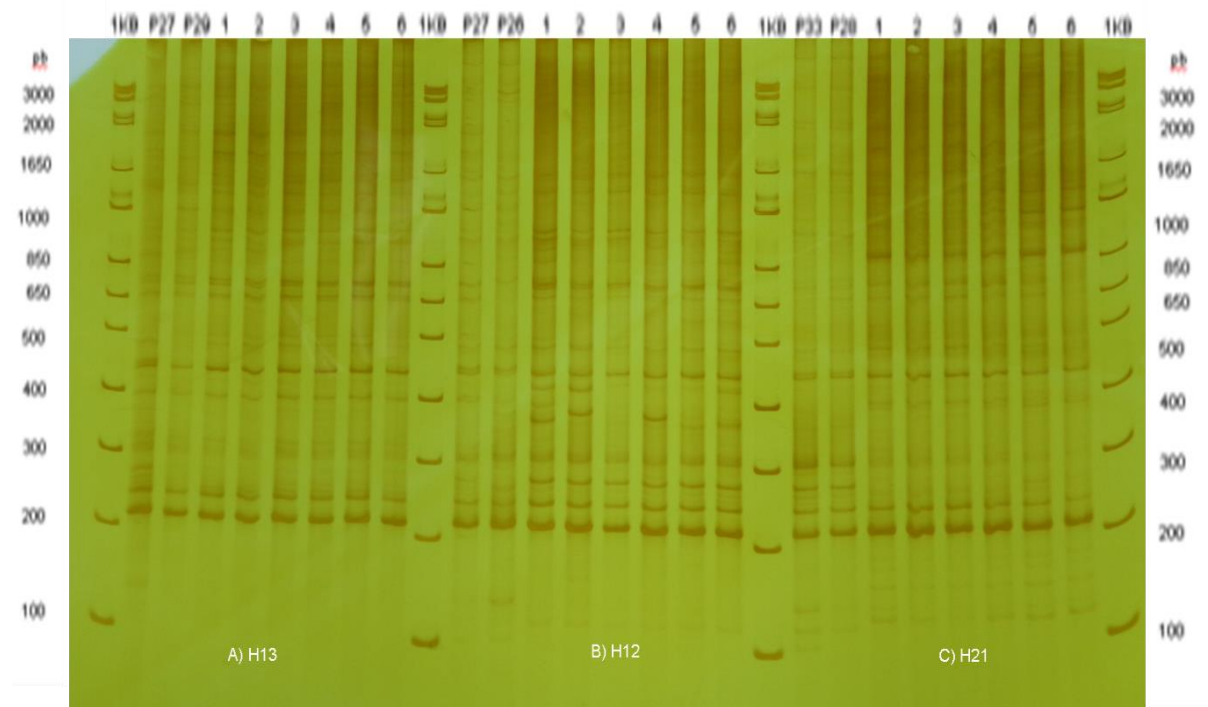


Figura 6.2. Perfiles de ISSR obtenidos en geles de poliacrilamida al 6 %, de tres híbridos y sus progenitores al ser amplificados con el marcador IS04, A) Híbrido H13; B) Híbrido H12; C) Híbrido H21; M: Marcador Molecular (1Kb).

Discusión

Los resultados obtenidos con los marcadores moleculares como ISSR y SSR, confirman lo obtenidos con propósitos de mejora genético en el género *Capsicum* (Muñoz *et al.*, 2021; Lengua-Cabrera, 2018). Los resultados de diversidad genética realizados con diferentes tipos de chiles cultivados y silvestres de *C. annuum* por Contreras-Toledo (2011), en el estado de Puebla, revelaron un polimorfismo del 80 % con un total de 105 alelos en total para 19 loci SSR evaluados. Los estudios realizados por Toledo-Aguilar *et al.* (2016) al analizar la diversidad genética en poblaciones de chile ancho utilizaron 24 loci de SSR, revelaron la presencia de un polimorfismo del 87.5 y 83.3 %, para los tipos Mulato y Ancho, respectivamente para un total de 220 alelos, detectados en 44 accesiones de ese tipo de chile.

Otros estudios han revelado una amplia variación interespecífica en *Capsicum* spp. empleando marcadores SSR. En particular caben destacar los trabajos de Dhaliwal *et al.* (2014), en 64 accesiones de tres especies de *Capsicum* de la India (*C. annuum*, *C. chinense* y *C. frutescens*) al examinar 27 loci SSR detectaron un total de 75 alelos. De igual forma Ibiza *et al.* (2012) observaron en promedio un total de 14.5 alelos por locus con 10 loci SSR en 270 poblaciones de cinco especies de *Capsicum* (*C. annuum*, *C. chinense*, *C. frutescens*, *C. baccatum* y *C. pubescens*) de la región de los Andes. De igual forma Patel *et al.* (2011) reportaron un alto nivel de polimorfismo con marcadores (ISSR y SSR) que permitieron detectar un total de 204 bandas reproducibles, de las cuales 139 resultaron polimórficas en trece cultivares de *Capsicum* spp. Muñoz *et al.* (2021) en un estudio molecular efectuado en poblaciones de chile (*Capsicum* spp.) provenientes de Tabasco y Chiapas, detectaron un total de 229 alelos, de ellos 70 fueron polimórficos. Todos estos estudios refuerzan la importancia del uso de marcadores moleculares específicos con el fin de evaluar la variación intra e interespecífica en este género.

Los resultados obtenidos con marcadores SSR e ISSR revelaron un mayor polimorfismo (82.5 y 92 %, respectivamente), en relación con los obtenidos en *Capsicum* spp. dado el mayor número de bandas (96 bandas) SSR e ISSR (130 bandas). En cambio, con las variedades comerciales, el número de alelos es muy bajo (Kwon *et al.*, 2005), debido a su estrecha base genética. Aktas *et al.* (2009) encontraron muy pocos alelos en cultivares introducidos en Turquía. Guzmán *et al.* (2020), hallaron 26 loci polimórficos en un análisis de 40 accesiones de *C. annuum*. A su vez, Paran *et al.* (1998), reportaron un menor valor de polimorfismos en 34 genotipos de *C. annuum* usando marcadores RAPD and AFLP. En accesiones de chile habanero, Lengua-Cabrera (2018), reportó un total de 84 loci con marcadores moleculares

como los AFLP y microsatélites (SSR), de las cuales 15 mostraron polimorfismo (17.85 %). En comparación con otros estudios, este número de polimorfismo es menor a lo reportado por Herrera (2013), en su estudio con accesiones de chile habanero con SSR, donde obtuvieron un 19 % (8 de 42) de polimorfismo, lo cual se considera alto para la especie, en comparación con otros reportes (Ince *et al.*, 2010). Sin embargo, nuestros resultados reflejaron que, tanto para los progenitores como para los híbridos de chile habanero, se obtuvo un alto polimorfismo.

En el presente estudio, con ayuda de diferentes marcadores moleculares, se mostró que el origen de los híbridos F₁ de chile habanero obtenidos, eran heterocigóticos. Los perfiles de bandas obtenidos en los híbridos, mostraron las bandas provenientes de los progenitores correspondientes. Los marcadores SSR, por su herencia codominante, fueron particularmente muy útiles para confirmar el parentesco genético de los híbridos con sus progenitores y la presencia de heterocigosidad en todos los híbridos F₁ obtenidos. Estos resultados, además coinciden con los resultados morfológicos y agronómicos obtenidos también en este trabajo. El grupo de híbridos (H7, H8, H10 y H12) mostraron las características de ambos progenitores, en cuanto a características como el color rojo del fruto y la textura rugosa o semirrugosa.

En un estudio efectuado en México (Toledo-Aguilar *et al.*, 2016), en poblaciones nativas de chile ancho, mediante marcadores SSR e ISSR se encontró una amplia variabilidad genética, con un gran número de heterocigotos. Esta variación se encontraba en mayor proporción dentro de las poblaciones que entre ellas y se detectó la presencia de alelos comunes a todos de las poblaciones de chile ancho, evidenciando que compartían una base genética común. Contreras-Toledo *et al.* (2011) evaluaron la diversidad genética de variedades locales de chile (*Capsicum* spp.) 'Poblano', 'Loco', 'Miahuateco' y 'Ancho', colectadas en el Valle de Tehuacán, Puebla, mediante marcadores SSR. Los resultados obtenidos mostraron la presencia de un mayor polimorfismo y heterocigosidad en las poblaciones locales, lo cual resalta la importancia de establecer estrategias de conservación de estos materiales.

Los dos tipos de marcadores moleculares evaluados demostraron su utilidad para revelar diferencias entre genotipos de chile habanero, como se reportó previamente en otras accesiones de esta especie (Herrera, 2013). Los SSR tenían un polimorfismo más alto que los ISSR en este estudio. Además, el polimorfismo observado por SSR entre progenitores e híbridos fue mayor que el encontrado en un estudio de diversidad genética de poblaciones cultivadas de *C. chinense* en Colombia, usando SSR-HRM (López-Candelo *et al.*, 2022).

De igual forma los resultados obtenidos por Herrera (2013), en chile habanero en Yucatán, mostraron la utilidad del empleo del iniciador IS21 (ISSR) para obtener un perfil genético inequívoco para cada una de las variedades y accesiones de *C. chinense* bajo estudio. Sin embargo, al igual que en otros estudios, se detectó en nuestro trabajo un mayor polimorfismo con los marcadores SSR. Resultados similares reportaron Kwon *et al.* (2009) donde expresan que los marcadores SSR revelan un gran número de alelos polimórficos. Esto explica el por qué se observó en este estudio que los marcadores SSR resultaron ser más informativos, lo cual se evidencia por los perfiles SSR distintivos entre los progenitores e híbridos evaluados.

En cuanto al análisis del contenido de información polimórfica (CIP) se han detectado en cultivares de chile valores de CIP que variaron de 0.27 a 0.67, con marcadores ISSR y SSR (Patel *et al.*, 2011), mientras que Lengua-Cabrera (2018), reportaron valores de CIP por encima del 0.49, en las accesiones de *Capsicum* del germoplasma del INIA evaluado con microsatélites (SSR). En nuestro trabajo, se detectaron valores de CIP más elevados lo que evidencia el alto polimorfismo y poder discriminativo de los iniciadores utilizados. Como era de esperar los valores de CIP fueron más elevados para SSR (0.74), que para los ISSR (0.53) dado el más elevado polimorfismo detectado por los marcadores SSR en este estudio. Estos resultados evidencian la utilidad del empleo de los iniciadores empleados para futuros estudios moleculares en este valioso cultivo.

Por último, cabe mencionar que los resultados obtenidos en el presente trabajo concuerdan con lo esperado dada la gran variabilidad observada en las variables cualitativas y cuantitativas observada en estos materiales, que demuestran la existencia de una amplia diversidad genética en el material de estudio, lo que favorece los trabajos de mejoramiento genético en el cultivo.

Los resultados obtenidos en este estudio revelaron la existencia de un elevado polimorfismo genético en el material evaluado con marcadores SSR e ISSR, lo cual resulta de interés para el desarrollo de los programas de mejoramiento genético que se desarrollan en este cultivo. Con base a estos resultados se puede, además, contribuir a la selección de futuros parentales, identificar el origen genético de los híbridos y caracterizar el germoplasma promisorio que se obtenga.

CAPÍTULO VII. DISCUSIÓN GENERAL, CONCLUSIONES Y PERSPECTIVAS

Discusión General

El mejoramiento genético de plantas permite obtener variedades con características de mayor calidad comercial y nutricional, mayor resistencia a factores abióticos y bióticos adversos al cultivo y mayor rendimiento. A través del cruzamiento, se pueden combinar diferentes características deseadas en un mismo individuo, lo que junto con el proceso de selección permitirá lograr mejores y mayores características productivas y una mayor adaptación de las plantas al medio (Orobiyi *et al.*, 2018). Cada día es más importante la necesidad de realizar un buen proceso de selección de líneas de chile habanero, con el fin de utilizarse como progenitores híbridos F₁ más competitivos, donde los parámetros genéticos - estadísticos optimicen este proceso de selección (Dzib-Aguilar *et al.*, 2011).

Las variedades utilizadas en este estudio, presentaron características sobresalientes de calidad de frutos (sabor, aroma, picor y color), que han sido ampliamente apreciadas por los consumidores y son diferentes a lo que se produce en el resto del país. Por ello, se consideró que todo lo mencionado anteriormente en este trabajo es de gran valor, tanto teórico como práctico, dado que se carece de materiales genéticos promisorios para satisfacer la creciente demanda de chile habanero, así como de recursos básicos de información para el desarrollo exitoso de programas de mejoramiento en este cultivo. Con nuestro trabajo se logró seleccionar tres progenitores por su rendimiento para consumo fresco y dos progenitores para la industria por su alto contenido de capsaicina.

Algunos progenitores (P33, P32, P24, P26 y P30) lograron valores altos y positivos para las variables ACG relacionadas con los componentes del rendimiento y el contenido de capsaicina, lo que permite recomendarlos para futuros trabajos de mejoramiento en esta especie.

Dada la importancia de la hibridación como estrategia de mejoramiento, ha llevado a los programas de mejoramiento actuales a enfatizar el desarrollo de híbridos, debido a su alto potencial de rendimiento basado en la calidad y productividad en este cultivo, aprovechando el vigor híbrido que se genera, al combinar en un solo genotipo, los genes favorables presentes en dos o más padres diferentes. Con esto se logra la independencia de las semillas híbridas importadas, cuyo alto costo imposibilita su adquisición por parte de los agricultores de la zona (Peña-Yam *et al.*, 2019b).

Los resultados obtenidos en este trabajo vienen a reafirmar la importancia de generar híbridos F_1 de chile habanero para consumo en fresco, más productivos, más uniformes, menos afectados por el ambiente por su condición heterocigota, y que presenten mayor potencial productivo que sus progenitores. Al mismo tiempo, que satisfagan las expectativas del consumidor, debido a la falta de variedades mejoradas que han afectado el desarrollo de este cultivo en la región de Yucatán. Se logró seleccionar ocho híbridos por su rendimiento para consumo fresco (3.13 a 4.92 Kg/Pta) y cuatro híbridos para la industria por su alto contenido de capsaicina (>900 000 SHU). Los 50 híbridos obtenidos del chile habanero vienen a conformar un recurso genético que, junto a otros ya obtenidos, son los que se logran en la Península a partir de variedades locales.

La superioridad de los híbridos sobre sus progenitores se ha demostrado en diferentes trabajos. Autores como Zavala (2017), en su trabajo sobre la formación y evaluación de híbridos interraciales de chile para producción en invernadero pudo constatar, de forma general, la superioridad de la F_1 con respecto a sus padres. Se pudo observar como las cruzas alcanzaron valores superiores a sus progenitores tanto para el rendimiento (más de 2.5 Kg/Pta) como para el número de fruto por planta (más de 90 frutos/Pta). Así mismo, en el cálculo de la heterosis, la mayoría de las cruzas alcanzaron valores superiores al 100 % en ambas componentes, esto quiere decir que los progenitores que se cruzaron son genéticamente diferentes entre ellos y que el mayor porcentaje de heterosis se presenta en la F_1 . Por su lado, Alejandro (2014), en otro estudio sobre la estimación de aptitud combinatoria y heterosis en cruzas intervarietales de *Capsicum annum* bajo condiciones de invernadero, demostró la superioridad de las cruzas por encima de sus progenitores en variables del rendimiento y el nivel de pungencia, señalando que en un Programa de Mejora es imprescindible la buena elección de los genotipos para poder llevar a cabo un adecuado desarrollo de cruzamientos. Los rendimientos estuvieron por encima de los 3.5 Kg/Pta hasta 5 Kg/Pta y la pungencia por encima de las 150 000 SHU en las cruzas.

Con este trabajo ofrecemos información de gran interés sobre los efectos de la capacidad combinatoria general (GCA) y específica (SCA) para los caracteres de rendimiento y sus componentes, en genotipos de chile habanero, lo que permitió estimar la heterosis, heterobeltiosis y la heredabilidad, con el propósito de identificar y evaluar patrones heteróticos entre las líneas, desarrolladas a partir de germoplasma nativo de este cultivo, en la Península de Yucatán.

En los últimos años el empleo de técnicas moleculares ha permitido complementar la información obtenida a través de la caracterización morfológica (Tomas, 2013). Es por ello la importancia de caracterizarlos mediante el uso de marcadores moleculares (Lengua-Cabrera, 2018). La caracterización molecular y morfológica de genotipos de chile habanero es de importante aplicación en la estimación de relaciones genéticas para la generación de híbridos ya que ofrecen información que puede ser considerada complementaria en la selección de cultivares dentro de un programa de mejora (Orobiyi *et al.*, 2018; Herrera, 2013). Este comportamiento ha sido señalado en otras especies tales como maíz por Smith *et al.* (1997), tomate por Noli *et al.* (1997), *Lolium perenne* por Roldán-Ruíz *et al.* (2001) y en *Musa spp.* por Crouch *et al.* (2000).

La introducción de marcadores moleculares dentro de estudios biológicos ofrece nuevas posibilidades para el análisis de diversidad y en la determinación de relaciones genéticas en y entre especies (Tomas, 2013). Los marcadores de microsatélites (SSR) son marcadores basados en PCR que se han desarrollado en muchas especies de plantas; ellos tienen la ventaja de ser multialélicos, altamente polimórficos y codominantes (Patel *et al.*, 2011). Los marcadores ISSR se han empleado en muchas especies para la toma de huellas genéticas y estudios filogenéticos, etiquetado de genes y mapeo.

El comportamiento de los genotipos de chile habanero presentado en este trabajo, sigue el mismo patrón de asociación en el ACP, así como el análisis de conglomerados derivado de la caracterización morfoagronómica y molecular, respectivamente. Así mismo, se concentran los progenitores de mayor rendimiento, en el mismo grupo que los híbridos de mejor comportamiento para esta variable; por otro lado, los genotipos de mayor contenido de capsaicina que, aunque no estén en el mismo grupo molecular que los progenitores, estos sí se agrupan por sus características morfoagronómicas. El análisis molecular arrojó que las huellas genéticas son una herramienta útil y necesaria para diferenciar progenitores e híbridos, en rasgos agronómicos de interés como el rendimiento y contenido de capsaicina.

Orobiyi *et al.* (2018) y Tomas (2013), señalan que es necesaria la asociación de datos moleculares, agronómicos y morfológicos para tener una mayor eficiencia en la estimación de la diversidad genética de *Capsicum*. Esto es corroborado por Campos *et al.* (2016) quienes al evaluar el perfil morfológico, agronómico y molecular de 21 accesiones *Capsicum spp.* del suroeste de Mato Grosso, Brasil, observaron que las accesiones evaluadas presentaron altos niveles de estructura genética al identificar seis grupos bien definidos por sus características agronómicas, morfológicas y moleculares.

Los marcadores morfológicos como los moleculares han demostrado su eficiencia en la evaluación y caracterización de la diversidad genética en *Capsicum chinense*. Actualmente la información generada por ambos marcadores puede complementarse para tener estimados de la diversidad genética más seguro.

De manera general, con la presente tesis se pudo llegar a cumplir todos los objetivos propuestos. Se obtuvieron un total de ocho híbridos de chile habanero (siete de color rojo y 1 de color naranja) para consumo fresco y cuatro híbridos con alto contenidos de capsaicina para la industria con más de 900 000 SHU.

Conclusiones

1. Los progenitores masculinos P26 (RNJ-04) y P30 (RES-08), necesitan sembrarse un mes antes que el resto de los progenitores, porque son menos precoces que el resto. Los progenitores femeninos P25 (NEK-03), P28 (NBA-06) y P33 (NKA-11) (de frutos naranjas) fueron los más precoces, en ambos ciclos de siembra.
2. La mayor efectividad de cruzamiento y mejor promedio de semillas por fruto de las cruzas obtenidas, se obtuvieron en el Ciclo 2.
3. El progenitor NKA-11 mostró valores altos y significativos de ACG para las variables estudiadas; esto contribuirá a futuros programas de cruzamientos en este cultivo.
4. Los cruces con el probador masculino RNJ-04 destacaron en todos los análisis realizados como ACE, heterosis y heterobeltiosis, para la mayoría de las variables evaluadas.
5. Con base en los valores de GCA de los progenitores y la heterosis de las progenies, la hibridación sería el método de mejoramiento más apropiado para aumentar el rendimiento y el número de frutos por planta, lo que contribuirá a la selección en la mejora genética de este cultivo.
6. Los altos valores de variación fenotípica y genética, de heredabilidad y avance genético, para el rendimiento y sus componentes, confirman la gran variabilidad existente entre los genotipos de chile habanero.
7. La heredabilidad en sentido estrecho para el rendimiento y sus componentes, así como para el contenido de capsaicina, fue alta lo que nos indica que es heredable e influenciado por genes aditivos. podría esperarse una mayor ganancia genética en los cruzamientos.
8. La asociación fenotípica de los diferentes caracteres cuantitativos del fruto analizados en los genotipos e híbridos estudiados, encontraron correlación negativa importante entre DF y LF para los progenitores y correlación positiva entre el PPF y EF en los híbridos.
9. El análisis de conglomerados permitió la formación de cinco grupos entre los progenitores, así como para los híbridos.
10. Dieciocho F₁ fueron los más precoces pues inician su floración a los 32-33 días, lo que favorecería a la siembra escalonada en el campo.
11. De los híbridos obtenidos el 68.5% de los frutos fueron de color rojo, lo que indica que este carácter es dominante, el 60% de los híbridos tuvieron una epidermis semirrugosa y el 68.3% de los híbridos tiene el pistilo exserto.

CONCLUSIONES

12. Ocho de los híbridos obtenidos, (H8, H10, H13, H17, H19 Y H60) alcanzaron rendimientos entre 3.13 a 4.92 Kg/Pta, superando a los rendimientos reportados para este cultivo bajo invernadero.
13. Cuatro híbridos (H7, H35, H43 Y H51) superaron las 900 000 SHU.
14. Los datos moleculares permitieron, demostrar la condición heterocigota de los híbridos obtenidos y, diferenciar claramente entre progenitores y entre híbridos.

Perspectivas

1. Se recomienda evaluar los 12 mejores híbridos bajo un sistema de invernadero con todas las condiciones de producción para evaluar el potencial real de los mismos.
2. Evaluar en diferentes localidades desde Yucatán, al menos dos híbridos (el de mayor rendimiento y el de mayor contenido de capsaicina), con la finalidad de incorporar al mercado un híbrido F₁ con características sobresalientes y adaptable a diferentes regiones o a diferentes condiciones para consumo fresco y otro híbrido para la industria.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Acquaah, G. (2007). Sexual hybridization and wide crosses. *Principals of plant genetics and breeding*. Blackwell Publishing, Oxford, UK, pp. 164-180.

Acquaah, G. (2009). *Principles of plant genetics and breeding*. John Wiley and Sons. Second edition. pp. 75-77.

Ahmed, N. and Muzafar, H.J.C. (2000). Heterosis studies for fruit yield and some economic characters in sweet pepper (*Capsicum annuum* L.). *Capsicum and Eggplant Newsletter*, 19, 74-77.

Ahmed, N., Khan, S.H. and Tank, M.I. (1997). Combining ability analysis for fruit yield and its component characters in sweet pepper (*Capsicum annuum* L.). *Capsicum and Eggplant Newsletter*, 16, 72-75.

Aktas, H., Abak, K., Sensoy, S. (2009). Genetic diversity in some Turkish pepper (*Capsicum annuum* L. var. *annuum*) genotypes revealed by AFLP analyses. *African Journal of Biotechnology*, 8, 4378-4386.

Alansi, S.; Tarroum, M.; AL-Qurainy, F.; Khan, S. y Nadeem, M. (2016). Use of ISSR markers to assess the genetic diversity in wild medicinal *Ziziphus spina-christi* (L.) Willd. collected from different regions of Saudi Arabia. *Biotechnology and Biotechnological Equipment*, 30, 942-947.

Alejandro, G.J. (2014). Estimación de aptitud combinatoria y heterosis en cruizas intervarietales de *Capsicum annuum* bajo condiciones de invernadero. Tesis de Maestría. Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. Saltillo, Coahuila, México. pp. 56.

Allard, R.W. (1960). *Principios de la mejora genética de las plantas cultivadas*. Ed. Omega, Barcelona, pp. 498.

Amin, M.N., Amirurzaman, M., Ahmed, A., Ali, M.R. (2014). Evaluation of inbred lines of maize (*Zea mays* L.) through line x tester method. *Bangladesh Journal of Agricultural Research*, 39, 675-683.

Anderson, J.A., Churchill, G.A., Autrique, J.E., Tanksley, S.D., and Sorrels, M.E. (1992). Optimizing parental selection for genetic linkage maps. *Genome*, 36, 181–186.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Antonious, G.F., Lobel, L., Kochhar, T., Berke, T., Jarret, R.L. (2009). Antioxidants in *Capsicum chinense*: Variation among countries of origin. *Journal of Environmental Science and Health*, 44, 621-626.

Arias-Martínez, L.L. (2019). Heredabilidad en *Capsicum* (Solanaceae) usando parentesco estimado con marcadores moleculares. Disponible en: <http://hdl.handle.net/10893/15572>. [Acceso 10 abril 2022].

Avilés, B.W., Santana, B.N., Islas, F.I., Ramírez J.G., Dzib, E. R., Moguel, O Y. 2006. Estudios realizados en México sobre el cultivo de chile habanero (*Capsicum chinense*, Jacq). In: Memoria Primera Reunión Nacional de Innovación Agrícola y Forestal. Mérida, Yucatán, México. p. 89.

Ayala, B.A. (2015). Caracterización de híbridos de chile manzano. Tesis de Maestría. Universidad Autónoma del Estado de México. México. pp. 121.

Baba, V.Y., Rocha, K.R., Gomes, G.P., de Fátima, Ruas C., Ruas, P.M., Rodríguez, R. and Gonzalves, L.S.A. (2016) Genetic diversity of *Capsicum chinense* accessions based on fruit morphological characterization and AFLP markers. *Genetic Resources and Crop Evolution* 63, 1371-1381.

Bharath, S.M., Cilas, C., and Umaharan, P. (2013). Fruit trait variation in a Caribbean germplasm collection of aromatic hot peppers (*Capsicum chinense* Jacq.). *Hortscience*, 48, 531-538.

Berhanu, Y., Derbew, B., Wosene, G., Fekadu, M. (2011). Variability, heritability, and genetic advance in hot pepper (*Capsicum annum* L.) genotypes in West Shoa, Ethiopia. *American-Eurasian Journal of Agricultural & Environmental Sciences*, 10, 587-592.

Bekele, A. and Rao, N. (2013). Heterosis study for grain yield, protein and oil improvement in selected genotypes of maize (*Zea mays* L.) *Journal of Plant Science*, 1, 57-63.

Bento, C.S., Rodrigues, R., Sudré, C.P., Medeiros, A.M., Mathias, V.A., Gonçalves, L. S. (2016). Determining the inheritance of agronomic traits in chili pepper. *Horticultura Brasileira*, 34, 367-373.

Bianchi, P.A., Dutral, I.P., Moulini, M.M., SantosII, J.O., Júnior. A.S. (2016). Morphological Characterization and Analysis of Genetic Variability Among Pepper Accessions. Crop Production. *Ciência Rural*, 46, 1151-1157.

- Bijalwan, P. and Madhvi, N. (2013). Genetic variability, heritability and genetic advance of growth and yield components of chili (*Capsicum annuum* L.) genotypes. *Int J Sci Res*, 5, 1305–1307.
- Biles J.J., Lebrón, C., Andrade, A., Jung, A.M., Rivas, L., Santacruz, C., Ullauri, G. (2015). El chile habanero de la península de Yucatán: Mercado estadounidense, González T.A (Ed.). Grupo Impresor Unicornio S.A. de CV, Mérida, Yucatán, México. pp. 17-21.
- Blair, M.W., Panaud, O., Mc Couch, S.R. (1999). Inter-simple sequence repeat amplification for analysis of microsatellite motif frequency and fingerprinting in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet*, 98, 780-792.
- Borges-Gómez, L., Moo-Kauil, C., Ruíz-Novelo, J., Osalde-Balam, M., González-Valencia, C., Yam-Chimal, C., Can-Puc, F. (2014). Suelos destinados a la producción de chile habanero en Yucatán: características físicas y químicas predominantes. *Agrociencia*, 48, 348-356.
- Bosland, P. and Votava, E. 2012. Peppers: vegetable and spice *Capsicums*. 2nd (Ed. Cabi publishing. London UK. pp. 230.
- Bozokalfa, M.K., Eşiyok, D., Turhan, K. (2009). Patterns of phenotypic variation in a germplasm collection of pepper (*Capsicum annuum* L.) from Turkey. *Spanish J Agric Res*, 7, 83–95.
- Butcher, J.D., Crosby, K.M., Yoo, K.S., Patil, B.S., Ibrahim, A.M.H., Leskovar, D.I., and Jifon, J.L. (2012). Environmental and genotypic variation of capsaicinoid and flavonoid concentrations in habanero (*Capsicum chinense*) peppers. *Horticultural Science*, 47, 574-579.
- Burgos, G., Salas, E., Amoros, W., Auqui, M., Muños, L., Kimura M., Bonierbale, M. (2009). Total and individual carotenoid profiles in *Solanum phureja* of cultivated potatoes: I. Concentrations and relationships as determined by spectrophotometry and HPLC. *Journal of Food Composition and Analysis*, 22, 503–508.
- Cabrera, F.A.V. (2016). Mejoramiento genético de plantas. Segunda Edición. Universidad Nacional de Colombia. https://scholar.google.es/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&q=6.%09Cabrera+FAV+%282016%29.

Campos, M.R.S., Gómez, K.R., Ordo, Y.M., Ancona, D.B. (2013). Polyphenols, ascorbic acid and carotenoids contents and antioxidant properties of habanero pepper (*Capsicum chinense* L.) fruit. *Food Nutr. Sci*, 4, 47-54.

Canto-Flick, A., Balam-Uc, E., Bello-Bello, J.J., Lecona-Guzmán, C., Solís-Marroquín, D., Avilés-Viñas, S., Gómez-Uc, E., López-Puc, G., Santana-Buzzy, N., Iglesias-Andreu, L.G. (2008). Capsaicinoids content in habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.): hottest known cultivars. *HortScience*, 43,1344-1349.

Canto-Flick, A. (2007). Caracterización morfológica y determinación de los niveles de capsaicina en 18 accesiones de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.). Tesis de Maestría. Instituto Tecnológico de Mérida, Yucatán, México. pp. 75.

Carvalho, S. I. C., Bianchetti, L. B., Ragassi, C. F., Ribeiro, C. S. C., Reifschneider, F. J. B., Buso, G. S. C., Faleiro, F. G. (2017). Genetic variability of a Brazilian *Capsicum frutescens* germplasm collection using morphological characteristics and SSR markers. *Embrapa Hortaliças-Artigo em periódico indexado (ALICE)*. 16 (3): gmr16039689. pp. 1-18.

Carvalho, S.L.C., Ragassi, C.F., Bianchetti, L.B., Reifschneider, F.J.B., Buso, G.S.C., Faleiro, F.G. (2014). Morphological and genetic relationships between wild and domesticated forms of peppers (*Capsicum frutescens* L. and *C. chinense* J.). *Genetics and Molecular Research*, 13, 7447-7464.

Casanova, A.S., Hernández, J.C., González, F.M., Hernández, M. (2019). Producción protegida de plántulas hortícolas en cepellones. Capítulo IV. Manual para la producción protegida de hortalizas en Cuba. Tercera edición corregida y ampliada, La Habana, ISBN: 978-959-7111-71-9 pp. 353.

Castañeda-Álvarez, N.P., de Haan, S., Juárez, H., Khoury, C.K., Achicanoy, H.A., Sosa, C.C., Spooner, D.M. (2015). Ex Situ Conservation Priorities for the Wild Relatives of Potato (*Solanum* L. Section Petota). *PLoS one*, 10 (4), e0122599.

Castañón-Najera, G., Latourerie-Moreno, L., Mendoza-Elos, M., Vargas-López, A., Cárdenas-Morales, H. (2008). Colección y caracterización de Chile (*Capsicum* spp.) en Tabasco, México. *Phyton*, 77, 189-202.

Castellón-Martínez, E., Carrillo-Rodríguez, J. C., Chávez-Servia, J. L., Vera-Guzmán, A. M. (2014). Variación fenotípica de morfotipos de chile (*Capsicum annum* L.) nativo de Oaxaca, México. *Phyton* (Buenos Aires), 83, 225-236.

Castillo-Aguilar, C. de la C.; Quej-C, I.V.; Coh-Méndez, D.; Carrillo-Ávila, E.; Monsalvo-Espinosa, A. (2015). Producción de planta de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.). *Agro Productividad*, 8, 73-78.

Castro-Concha, L.A., Tuyub-Che, J., Moo-Mukul, A., Vázquez-Flota, F.A., and Miranda-Ham, M.L. (2014). Antioxidant capacity and total phenolic content in fruit tissues from accessions of *Capsicum chinense* Jacq. (habanero pepper) at different stages of ripening. *The Scientific World Journal*. Article ID 809073, 2014. <https://doi.org/10.1155/2014/809073>.

Cetzluit, J. (2005). Micropropagación de chile dulce (*Capsicum annum* L. var. Najera) y chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) con miras al mejoramiento genético del cultivo. *SECAB: Ciencia y Tecnología-Secretaría Ejecutiva del Convenio Andrés Bello*, Colombia. pp. 83

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.

Conteras-Toledo, A.R. (2011). Análisis de la diversidad genética de variedades nativas de chile "Poblano" por medio de microsatélites. Tesis para optar el grado de Master en Ciencias. Colegio de posgraduado, Montecillo, Texcoco, EDO de México, pp. 81.

Cooke, R.J. (1995). Varietal identification of crop plants. In *New Diagnostics in Crop Sciences*. J. H. Skerritt and R. Appels, eds. CAB Int. Wallingford, pp. 33-63.

Coop G., Corona, A.I., Rodríguez, R., Herrera, F. (2011). Conservación de la calidad postcosecha en chile habanero (*Capsicum chinense* J.) mediante atmósferas modificadas. *Revista Iberoamericana de Tecnología Postcosecha*, 12, 80-86.

Costa, L. V., López, R., López, M.T.G., de Figueiredo, A.F., Barros, W.S., Alves, S.R.M. (2009). Cross compatibility of domesticated hot pepper and cultivated sweet pepper. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 9, 37-44.

Crouch, H.K., Crouch, J.H., Madsen, S., Vuylsteke, D.R., Ortiz, R. (2000). Comparative analysis of phenotypic and genotypic diversity among plantain landraces (*Musa* spp., AAB group). *Theor. Appl. Genet.*, 101, 1056-1065.

Cruz, P., González, H., Gutiérrez, M.A., Gardea, A.A., Pérez, M. (2007). Capsaicinoides, vitamina C y heterosis durante el desarrollo del fruto de chile manzano. *Agrociencia*, 41, 627-635.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Cruz-Neto, A. J.D., Rosa, R.C.C., Oliveira, E.J.D., Sampaio, S.R., Santos, I.S.D., Souza, P.U., Jesús, O.N.D. (2016). Genetic parameters, adaptability, and stability to selection of yellow passion fruit hybrids. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 16, 321-329.

Chan, C.N., Sauri, D.L., Oliveira, C.I., Rivas, B.J. (2011). Evaluación de la calidad en la industrialización del chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.). *Revista Iberoamericana Tecnología Postcosecha*, 12, 222-226.

Choudhary, B.S., and Samadia, D.K. (2004). Variability and character association in chilli landraces and genotypes under arid environment. *Indian J. Hort*, 61, 132–136.

Dawkins, R. (1900). Leyes de Mendel. Bases científicas, pp. 99.

Dhaliwal M.S., Yadav, A., Jindal, S.K. (2014). Molecular characterization and diversity analysis in chili pepper using simple sequence repeats (SSR) markers. *African Journal of Biotechnology* 13, 3137-3143.

De León, C.H., De la Rosa-Loera, A, Rincón Sánchez, F, Martínez-Zambrano, G. (2006). Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de maíz adaptados a el bajío mexicano. *Revista Fitotecnia Mexicana* 29, 247-254.

De Sousa, J.A., and Maluf, W.R. (2003). Diallel analysis and estimation of genetic parameters of hot pepper (*Capsicum chinense* Jacq.). *Scientia Agrícola*, 60,105-113.

DOF. Diario Oficial de la Federación (2012). Norma Oficial Mexicana NOM-189-SCFI-2012, Chile Habanero de la Península de Yucatán (*Capsicum chinense* Jacq.). Especificaciones y métodos de prueba. Disponible en: <http://www.dof.gob.mx> [Acceso 5 julio 2018].

Do Rego, E.R., do Rego, M.M., Cruz, C.D., Finger, F.L., Casali, V.W.D. (2011). Phenotypic diversity, correlation, and importance of variables for fruit quality and yield traits in Brazilian peppers (*Capsicum baccatum*). *Genet. Res. Crop Evol*, 58, 909–918.

Dueñas-Hurtado F., Álvarez-Gil, M., Fuentes, A., Martínez-Zubiaur, Y., Muñoz, F. (2012). Resistencia al Tomato Yellow Leaf Curl Virus (TYLCV-IL [CU]) en poblaciones F₂ de tomate (*S. lycopersicum*, L.), segregantes para los genes de resistencia Ty-1 y Ty-2. Tesis de Doctorado. Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas. pp.130.

Dzib-Aguilar, L.A.; Segura, J.C.; Ortega, R., Latournerie, L. (2011). Cruzas dialélicas entre poblaciones nativas de maíz de Yucatán y poblaciones mejoradas. *Trop. Subtrop. Agroecosys*, 14, 119-127.

Elmyhum, M. (2013). Estimation of combining ability and heterosis of quality protein maize inbred lines. *African Journal of Agricultural Research*, 8, 6309-6317.

Esquivel, G.E. (2008). Heterosis entre poblaciones de maíz de la raza Jalapeño con diferente grado de divergencia genética. Tesis de Doctorado. Montecillo, Texcoco, Edo. de México. pp. 101.

Fabela-Morón, M. F., Cuevas-Bernardino, J. C., Ayora-Talavera, T., Pacheco, N. (2020). Trends in capsaicinoids extraction from habanero chili pepper (*Capsicum chinense* Jacq.): recent advanced techniques. *Food Reviews International*, 36, 105-134.

Falconer, D.S. (1981). Introducción a la Genética Cuantitativa. Cía. Editorial Continental, México. pp. 303-304.

Falconer, D.S., and Mackay, T.F.C. (1996). Introduction to quantitative genetics. Harlow, Essex, UK: Addison Wesley Longman. Pearson Education Ltd, Essex, UK. pp. 464-464.

Fellahi, Z., Hannachi, A., Bouzerzour, H., Boutekrabt, A. (2013). Line x Tester Mating Design Analysis for Grain Yield and Yield Related Traits in Bread Wheat (*Triticum aestivum* L.). *International Journal of Agronomy*, pp. 9.

Flores, N.A. (2013). Invernaderos: el chile habanero se abre mercado en diferentes países. Revista digital De Riego 11. [Online] (Actualizado 16 enero 2015) <http://editorialderiego.com/invernaderos-el-chile-habanero-se-abre-mercado-en-diferentes-pases/> [Acceso 10 enero 2019].

Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO). (2022). Statistics. Retrieved from <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>, consulted on October 10th.

Fonseca, R. M., López, R., Barros, W. S., López, M. T. G., Ferreira, F. M. (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.

Fonseca-Boiteux, M.E., Piñón-Gómez, M., Rodríguez-Llanes, Y., González-Arcos, M., Arruabarren, A. y Boiteux, LS. (2014). Allelic diversity for a genomic segment encompassing a functional marker associated with the sw-5 locus in wild tomato species and tomato breeding lines. En: *Arraial D'Ajuda, Porto Seguro-BA, Brazil*. pp. 162.

Frary, A., Xu, Y., Liu, J., Mitchell, S., Tedeschi, E., Tanksley, S. (2005). Development of a set of PCR-based anchor markers encompassing the tomato genome and evaluation of their

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

usefulness for genetics and breeding experiments. *Theoretical and Applied Genetics*, 111, 291-312.

Garruña-Hernández R., R. Orellana, A. Larque-Saavedra and A. Canto. (2014). Understanding the physiological responses of a tropical crop (*Capsicum chinense* Jacq.) at high temperature. *PLoS ONE* 9: e111402. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0111402>.

Garruña-Hernández, R., Canto, A., Mijangos-Cortés, J. O., Islas, I., Pinzón, L., and Orellana, R. (2012). Changes in flowering and fruiting of habanero pepper in response to higher temperature and CO₂. *Journal of Food, Agriculture & Environment*, 10, 802-808.

Geleta, M., Herrera, I., Monzón, A., Bryngelsson, T. (2012). Genetic diversity of arabica coffee (*Coffea arabica* L.) in Nicaragua as estimated by simple sequence repeat markers. *The Scientific World Journal*, 2012. <https://doi.org/10.1100/2012/939820>.

Giuffrida, D., Dugo, P., Torre, G., Bignardi, C., Cavazza, A., Corradini, C., and Dugo, G. (2013). Characterization of 12 *Capsicum* varieties by evaluation of their carotenoid profile and pungency determination. *Food Chemistry*, 140, 794-802.

Gómez-García, M.D.R., and Ochoa-Alejo, N. (2013). Biochemistry and molecular biology of carotenoid biosynthesis in chili peppers (*Capsicum* spp.). *International Journal of Molecular Sciences*, 14, 19025-19053.

Gomide, M.L., Maluf, W.R, and Gomes. L. (2003). Heterose e capacidade combinatória de linhagens de pimentão (*Capsicum annum* L.). *Ciência e Agrotecnologia*, Lavras 27, 1007-1015.

González-Chavira, M. M., Guzmán-Maldonado, S. H., Pons-Hernández, J. L., Villalobos-Reyes, S. and González-Pérez, E. (2019). Genetic, chemical and agronomical characterization of husk tomato advanced lines. *Agron. Mesoam.* 30(1):101-114.

González-Estrada, T.A., Biles, J.J., Lebrón, C., Jung, A.M, Rivas, L., Santacruz, C., Ullauri, G. (2015). Estudio estratégico de los mercados de chile habanero de la Península de Yucatán: mercado estadounidense. CONACYT, Mérida, Yucatán, México. pp. 47.

González-Pérez, E. G., Ramírez-Meraz, M., Ku, J. C., López, R. F., y Valdez, L. M. M. (2021). Aportaciones del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias al mejoramiento genético de hortalizas. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 25, 1-13.

González, E.T., Gutiérrez, L.P., Contreras, F.M. (2006). El chile habanero de Yucatán. Ciencia y Desarrollo. El conocimiento a tu alcance. CONACYT, pp. 5.

Gonzalo, M., Oliver, M., García-Mas, J., Mon-Fort, A., Dolcet-Sanjuan, R., Katzir, N., Arús, P., Monforte, A. (2005). Simple sequence repeats markers used in merging linkage maps of melón (*Cucumis melo* L.) *Theoretical and Applied Genetics*, 802-811.

Griffing, B. (1956) Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Austr. J. Biol. Sci*, 9, 463- 491.

Guenko, G. (1983). Fundamentos de la Horticultura, Libros de la Habana, Cuba. pp, 450.

Gupta P.K., Varshney, R.V., Sharma, P.C., Ramesh, B. (1999). Molecular markers and their applications in wheat breeding. *Plant Breed.*,118, 369-390.

Gutiérrez, A.T. (2017). Descripción varietal y comportamiento agronómico de seis genotipos de chile (*Capsicum annuum* L.) bajo condiciones de campo en Saltillo, Coahuila. México. Tesis de Ingeniero Agrónomo. pp. 207.

Guzmán, F. A., De Vicente, M.C., Moore, S., Jahn, M.M. (2020). Microsatellites to enhance characterization, conservation, and breeding value of *Capsicum* germplasm. *Gen. Res. and Crop Evol.*, 67, 569-585.

Hallauer, A.R. (1981). Selection and breeding methods. In: plant breeding II. Frey, K. J. (Ed.). *Iowa State University Press*. Ames. Iowa. pp. 497.

Hallauer, A.R., and Miranda, J.B. (1988). Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University. Press/ Ames, USA, pp. 159-294.

Hendrick, P.W. (2001). Conservation genetics: where are we now? *Trends in Ecology and Evolution*, 16, 629- 636.

Hernández M.I., Moreno, M.L., Chailloux, V.P., Igarza, A.S., Ojeda, A.V. (2014). Niveles referenciales de nutrientes en la solución del suelo para el diagnóstico nutricional en el cultivo protegido del tomate. *Idesia*, 32, 79-88.

Hernández, R.G. and Lanza, R.A.A.O. (2012). Efecto del aumento de temperatura y CO₂ como consecuencia del cambio climático sobre el *Capsicum chinense* Jacq. Tesis de Doctorado. Centro de Investigación Científica de Yucatán, México. pp. 115.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Herrera, R.G. (2013). Estudios moleculares sobre la diversidad genética de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) de la península de Yucatán. Tesis de Maestría. Centro de Investigación Científica de Yucatán. México. pp. 102.

Hundal, J.S., and Dhall, R.K. (2004). Breeding for hybrid hot pepper. *Journal of New Seeds*, 6, 31-50.

Ibiza, V.P., Blanca, J., Cañizares, J., Nuez, F. (2012). Taxonomy and genetic diversity of domesticated *Capsicum* species in the Andean region. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 59,1077-1088.

IBM Corp. (2013). IBM SPSS Statistics for Windows, Version 22.0, Release 2013. IBM Corp., Armonk, NY.

IMPI, Instituto Mexicano de la Propiedad Industrial (2010). Declaratoria General de Protección de la Denominación de Origen Chile habanero de la Península de Yucatán. Diario Oficial de la Federación, Primera Sección. México, D.F. 4 de junio de 2010.

Ince, A.G, Karaca, M., Onus, A. N. (2010). Differential expression patterns of genes containing microsatellites in *Capsicum anuum* L. *Molecular Breeding*, 25, 645- 658.

IPGRI AJT, Costa Rica, 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 Tropical Agricultural Research and Higher Education Center. pp. 110.

IPGRI and Cornell University. (2003). Módulo de aprendizaje. Tecnología de marcadores moleculares para estudios de diversidad genética de plantas. In: Janick, J., and R. E. Paull (eds). The encyclopedia of fruit and nuts. CAB International, Wallingford, UK, pp. 204-208.

Jaccard, P. (1908). Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bull. Soc. Vaudoise Sci. Nat.* 44, 223–270.

Jansky, S.H., Charkowski, A.O., Douches, D.S., Gusmini, G., Richael, C., Bethke, P.C., Jiang, J. (2016). Reinventing Potato as a Diploid Inbred Line–Based Crop. *Crop Science*, 56, 1412-1418.

Jeeatid, N., Suriharn, B., Techawongstien, S., Chanthai, S., Bosland, P.W., Techawongstien, S. (2018). Evaluation of the effect of genotype by environment interaction on capsaicinoid

production in hot pepper hybrids (*Capsicum chinense* Jacq.) under controlled environment. *Sci Horticulture-Amsterdam*, 235, 334-339.

Jenkins, M.T., and Brunson, A.M. (1932). Methods of testing inbred lines of maize in crossbred combinations. *Journal of the American Society of Agronomy*. 24, 523-530.

Jiang, G.L. (2017). Molecular markers. In: Brian T., B. G. Murray and D. J. Murphy (eds). *Encyclopedia of Applied Plant Sciences*. Virginia State University, Petersburg. pp. 207- 214.

Jiang, G. L. (2013). Molecular markers and marker-assisted breeding in plants. In Andersen, S. B. (Ed.). *Plant breeding from laboratories to fields*, 3. IntechOpen, London. pp. 45–83.

Jimenez-Cardona, J. R. (2015). Caracterización de las razas criollas e indígenas de maíz colombiano por medio de Marcadores Moleculares SSR. Tesis de Maestría, Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Departamento de Ciencias Biológicas, Palmira, Colombia. pp. 70.

Kahriman, F., Egesel, C.Ö., Orhun, G.E., Alaca, B., and Avci, F. (2016). Comparison of graphical analyses for maize genetic experiments: Application of biplots and polar plot to line x tester design. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 76, 285-293.

Khalil, M.R., and Hatem, M.J. (2014). Study on combining ability and heterosis of yield and its components in pepper (*Capsicum annuum* L.). *Alex. J. Agric. Res*, 59, 61-71.

Kalia R.K., Rai, M.K., Kalia, S., Singh, R., Dhawan, A.K. (2011). Microsatellite Markers: An overview of the recent progress in plants. *Euphytica*, 177, 309-334.

Karim, K.M.R., Rafii, Y.M., Misran, A.B., Ismail, M.F.B., Khan, M.M.H, and Chowdhury, M.F.N. (2021). Current and Prospective Strategies in the Varietal Improvement of Chili (*Capsicum annuum* L.) Specially Heterosis Breeding. *Agronomy* 11, 2217.

Kempthorne, O. (1957). *An introduction to genetics statistics*. New York: Wiley, Inc. London. Chapman, Hall, Ltd. pp. 468-471.

Kempthorne, O., and Curnow, R.N. (1961). The partial diallel cross. *Biometrics*, 17, 229-250.

Kivadasannavar, P., Deshpande, V.K., Vyakaranahal, B.S., Mohankumar, H.D., Biradar, D.P., Nadaf, H.L. (2009). Studies on emasculation and pollination in hybrid seed production of chili (*Capsicum annuum* L.). *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, 22, 301-305.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Kosman, E., and Leonrd, K.J. (2005). Similarity coefficients for molecular markers in studies of genetic relationships between individuals for haploid, diploid, and polyploid species. *Molecular Ecology* (14), 415-424.

Kumar, R., and Lal, G. (2001). Expression of heterosis in hot pepper (*Capsicum annuum* L.) (No. Research). <https://worldveg.tind.io/record/24788/>.

Kwon, Y.S., Park, S.G., Yi, S.I. (2009). Assessment of genetic variation among commercial tomato (*Solanum lycopersicum* L.) varieties using SSR markers and morphological characteristics. *Genes & Genomics*, 31, 1-10.

Kwon, Y.S., Lee, J.M., Yi, G.B., Kim, K.M., Soh, E.H., Bae, K.M., Park, E.K., Song, I.H., Kim, B.D. (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.

Labroo, M.R., Studer, A.J., and Rutkoski, J. E. (2021). Heterosis and hybrid crop breeding: a multidisciplinary review. *Frontiers in Genetics*, 12, 643761. <https://doi.org/10.3389/fgene.2021.643761>.

Latournerie-Moreno L., López-Vázquez, J. S., Castañón-Nájera, G., Mijangos-Cortéz, J. O., Espadas-Villamil, G., Pérez-Gutiérrez, A. y Ruiz-Sánchez, E. (2015). Evaluación agronómica de germoplasma de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.). *Agroproductividad*, 8,24-29.

Latournerie, L., Chávez, J. L., Pérez, M., Castañón, G., Rodríguez, S. A., Arias, L. M., Ramírez, P. (2002). Valoración in situ de la diversidad morfológica de chiles (*Capsicum annuum* L. y *Capsicum chinense* Jacq.) en Yaxcabá, Yucatán. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 25, 25-33.

Latournerie, L., Chávez, J. L., Pérez, M., Hernández, C. F., Martínez, R., Arias, L. M., Castañón, G. (2001). Exploración de la diversidad morfológica de chiles regionales en Yaxcabá, Yucatán, México. *Agronomía mesoamericana*, pp. 41-47.

Leal, J.G. and Porras, A.M.L. (1998). Diseño estadístico de experimentos: análisis de la varianza. Grupo Editorial Universitario. https://scholar.google.es/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&q=27.%09Leal+JG+and+Porras+AML+%281998%29+Diseño+estadístico+de+experimentos%3A+análisis+de+la+varianza.+Grupo+Editorial+Universitario.+&btnG=.

Lengua-Cabrera, R. G. (2018). Caracterización molecular de las colecciones nacionales de ajíes *Capsicum* spp. del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) y la Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM) mediante marcadores moleculares. Trabajo Monográfico para Optar el Título de BIÓLOGO, Universidad Nacional Agraria la Molina, Lima-Perú. pp. 50.

Li, Y.C., Korol, A.B., Fahima, T., Beiles, A., Nevo, E. (2002). Microsatellites: genomic distribution, putative functions, and mutational mechanisms: a review. (en línea). *PubMed*, 11, 2453-2465.

Lippert, L.F. (1975). Heterosis and combining ability in chili peppers by diallel analysis. *Crop Science*, 15, 323-325.

López-Castilla, L.C. (2018). Diversidad genética y variación morfológica de ecotipos de chile (*Capsicum* spp.) nativos del estado de Campeche. Tesis para optar por el grado de maestro en Ciencias. Tecnológico Nacional, Conkal, Yucatán, México. 69p.

López-Candelo, J.E., Viáfara-Vega, R.A., and Cárdenas-Henao, H. (2022). Molecular characterization by SSR-HRM of Colombian cultivated germplasm of *Capsicum chinense* Jacq. (*Solanaceae*). *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 16, e13363-e13363.

López-Espinosa, S.T., Latournerie-Moreno, L., Castañón-Nájera, G., Ruiz-Sánchez, E., Gómez-Leyva, J. F., Andueza-Noh, R.H., Mijangos-Cortés, J.O. (2018). Diversidad genética de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) mediante ISSR. *Rev. Fitotec. Mex.*, 41, 227 – 236.

López-Puc, G., Canto-Flink A., Santana-Buzzy. N. (2009). "El reto biotecnológico del chile habanero." *Ciencia*, 60, 30-35.

Lobato-Ortiz, R., Molina-Galán, J.D., López-Reynoso, J.J., Mejía-Contreras, J.A., Reyes-López, D. (2010). Criterios para elegir el mejor probador de la aptitud combinatoria general para rendimiento de grano de líneas autofecundadas de maíz. *Agrociencia*, 44, 17-30.

Luna-García, L.R., Robledo-Torres, V., Vásquez-Badillo, M.E., Ramírez-Godina, F., and Mendoza-Villarreal, R. (2018). Hibridación entre diferentes tipos de chiles y estimación de la heterosis para rendimiento y calidad de fruto. *Asociación Interprofesional para el Desarrollo Agrario (AIDA)*, 114, 119-134.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Luna-Ortega, J.G., García-Hernández, J.L., Valdez-Cepeda, R.D., Gallegos - Robles, M.Á., Preciado-Rangel, P., Guerrero-Guerrero, C., and Espinoza-Banda, A. (2013). Aptitud combinatoria y componentes genéticos en líneas de maíz. *Universidad y Ciencia*, 29, 243-253.

Mahesh, N., Wali, M.C., Gowda, M.V.C., Motagi, B.N., Uppinal, N.F. (2013). Genetic analysis of grain yield, starch, protein, and oil content in single cross hybrids of maize. *Kartanaka Journal of Agricultural Sciences*, 26, 185-189.

Maramé, F., Dessalegne, L., Fininsa, C., and Sigvald, R. (2009). Heterosis and heritability in crosses among Asian and Ethiopian parents of hot pepper genotypes. *Euphytica*, 168, 235-247.

Maramé, F., Desalegne, L., Singh, H., Fininsa, C., Sigvald, R. (2008). Genetic components and heritability of yield and yield related traits in hot pepper. *Res. J. Agric. Biol. Sci*, 4, 803-809.

Martinez, M., dos Santos, C.P., Verruma-Bernardi, M.R., Carrilho, E.N.V.M., Da Silva, P.P.M., Spoto, M.H.F., Ciarrocchi, I.R., and Sala, F.C. (2021). Agronomic, physical–chemical and sensory evaluation of pepper hybrids (*Capsicum chinense* Jacq). *Scientia Horticulturae*, 277, 109819. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2020.109819>.

Martínez-Martínez, R., Méndez-Infante, I., Castañeda-Aldaz, H.M., Vera-Guzmán, A. M., Chávez-Servia, J.L., Carrillo-Rodríguez, J.C. (2014). Heterosis interpoblacional en agromorfología y capsaicinoides de chiles nativos de Oaxaca. *Rev. Fitotec. Mex*, 37, 199-207.

Martínez-Zambrano, G., Dorantes-González, J.R.A., Ramírez-Meraz, M., de la Rosa-Loera, A., and Pozo-Campodónico, O. (2005). Efectos genéticos y heterosis en la vida de anaquel del chile serrano. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 28, 327-327.

Martínez, G.Z., Dorantes, J.R.A., Ramírez, M.M., Loera, A.R., Campodónico, O.P. (2005). Efectos genéticos y heterosis en la vida de anaquel del chile Serrano. *Rev. Fitotec. Mex*, 28, 327–332.

Márquez, S.F. (1988). *Genotecnica Vegetal*. Tomo II. Primera edición. Ed. AGTESA. México. pp. 563.

- Martins, K.C., Pereira, T.N.S., Souza, S.A.M., Rodrigues, R., Amaral Junior, A.T.D. (2015). Crossability and evaluation of incompatibility barriers in crosses between *Capsicum* species. *Crop Breeding and Applied Biotechnology*, 15, 139-145.
- McGregor, C. E., Lambert, C. A., Greyling, M. M., Louw, J. H., Warnich, L. (2000). A comparative assessment of DNA fingerprinting techniques (RAPD, ISSR, AFLP and SSR) in tetraploid potato (*Solanum tuberosum* L.) germplasm. *Euphytica*, 113, 135-144.
- Mehmood, A., Jaskani, M.J., Khan, I.A., Ahmad, S., Ahmad, R., Luo, S., Ahmad, N.M. (2014). Genetic diversity of Pakistani guava (*Psidium guajava* L.) germplasm and its implications for conservation and breeding. *Scientia Hort*, 172, 221–232
- Meshram, L. and Mukewar, A.J. (2011). Heterosis studies in chili (*Capsicum annuum* L.). *Scientia Horticulturae*, 28, 219-225.
- Meneses-Lazo, R. E., Garruña-Hernández, R., Latournerie-Moreno, L., Andrade-Torres, J. L., and Pérez-Gutiérrez, A. (2018). Caracterización fenológica y fisiológica de variedades experimentales de chile habanero con alto potencial agronómico. *Revista fitotecnia mexicana*, 41, 67-74.
- Meng L., Yang H.X, Mao P.C., Gao H.W., Sun F.O. (2011). Genetic diversity analysis *Arrhenatherum elatius* germplasm with intersimple sequence repeat (ISSR) markers. *African Journal of Biotechnology*, 10, 8729-8736.
- Mishra, R., Gupta, A.K., Lal, R.K., Jhang, T., Banerjee. N. (2015). Genetic variability, analysis of genetic parameters, character associations and contribution for agronomical traits in turmeric (*Cúrcuma longa* L.). *Ind. Crops Prod*, 76, 204– 208.
- Möhring, J. (2011). Mixed modelling for phenotypic data from plant breeding. *Universität Hohenheim*. pp. 65.
- Monge-Pérez, J. E. (2014). Caracterización de 14 genotipos de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) cultivados bajo invernadero en Costa Rica. *Revista Tecnología en Marcha*, 27, 58-68.
- Montalvo-Peniche, M. D. C., Iglesias-Andreu, L. G., Mijangos-Cortés, J. O., Nahuat-Dzib, S. L., Barahona-Pérez, F., Canto-Flick, A., Santana-Buzzy, N. (2007). In vitro germplasm conservation of habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.). *HortScience*, 42, 1247-1252.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Moreno-Pérez, del C., E., Mora- Aguilar, R., Sánchez del Castillo, F., García-Pérez, V. (2011). Phenology and yield of bell pepper (*Capsicum annuum* L.) hybrids grown hydroponically. *Rev. Chapingo*, 175, 5-18.

Moreno, L. L. (2015). Evaluación agronómica de germoplasma de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.). *Agroproductividad*, 8, 24-29.

Muñoz, M. D. M. (2016). Caracterización morfológica de 21 accesiones de *Capsicum* spp. del banco de germoplasma de la Universidad Nacional de Colombia sede Palmira. Tesis para obtener el grado de Master en Ciencias Biológicas Universidad Nacional de Colombia, Palmira, Valle del Cauca, Colombia. pp. 108.

Muñoz, Y.A.G., Cea, M., Leshner, J.M., Moreno, L.L., Moreno, E.M., Sánchez, J.L.M., Nájera, G.C. (2021). Comparación molecular de poblaciones de Chile (*Capsicum* spp.) de Tabasco y Chiapas, México. *Bioagro*, 33, 3-12.

Muñoz-Ramírez, L.S.M. (2020). Selección de variedades de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) con fines industriales. Tesis para obtener el grado de Doctor en Ciencias Biológicas, Centro de Investigación Científica de Yucatán, Mérida, Yucatán, México, pp. 123.

Muñoz-Ramírez, L.S., Peña-Yam, L.P., Avilés-Viñas, S.A., Canto-Flick, A., Guzmán-Antonio, A.A., Santana-Buzzy, N. (2018). Behavior of the Hottest Chili Peppers in the World Cultivated in Yucatán, México. *Hortscience*, 53,1772–1775.

Nagy, I., Stágel, A., Sasváry, Z., Röder, M. and Ganai, M. (2007). Development, characterization, and transferability to other Solanaceae of microsatellite markers in pepper (*Capsicum annum* L). *Genome*, 50, 668-688.

Nandadevi, N., and Hosamani, R.M. (2003) Estimation of heterosis, combining ability and per se performance in summer grown chilli (*Capsicum annumm* L.) for yield and resistance to leaf curl complex. *Capsicum Eggplant Newsletter*, 22, 59-62.

Nass, L L., Souza, K.R., Ribeiro, C.S., and Reifschneider, F.J. (2015). Synthesis of a base population of habanero pepper. *Hortic. Bras.*, 33, 530-532.

Ng, W.L., and Tan, S.G. (2015). Inter-simple sequence repeat (ISSR) markers: are we doing it right. *ASM Science Journal*, 9, 30-39.

Noli, E., Salvi, S., Tuberosa, R. (1997). Comparative analysis of genetic relationships in barley based on RFLP and RAPD markers. *Genome*, 40, 607-616.

- NOM. (2017). NORMA Oficial Mexicana NOM-189-SCFI-2017, Chile habanero de la Península de Yucatán (*Capsicum Chinense* Jacq.). Especificaciones y métodos de prueba, pp. 20.
- Orobiyi, A., Loko, L.Y., Sanoussi, F., Agré, A.P., Korie, N., Gbaguidi, A., Adjatin, A., Agbangla, C., Dansi, A. (2018). Agromorphological characterization of chili pepper landraces (*Capsicum annum* L.) cultivated in Northern Benin. *Genet Resour Crop Evol.* 65, 555–69.
- Ornelas-Paz, D.J., Martínez-Burrola J.M., Ruiz-Cruz, S., Santana-Rodríguez, V., Ibarra-Junquera, V., Olivas, G.I., and Pérez-Martínez, J.D. (2010). Effect of cooking on the capsaicinoids and phenolics contents of Mexican peppers. *Food Chemistry* 119, 1619-1625.
- Palacios-Castro, S. y García-Dávila, M. A. (2008). Caracterización morfológica de 93 accesiones de *Capsicum* spp del banco de germoplasma de La Universidad Nacional de Colombia-Sede Palmira. *Acta Agronómica*, 57, 247-252.
- Paran, I., Aftergoot, E., Shifriss, C. (1998). Variation in *Capsicum annum* revealed by RAPD and AFLP markers. *Euphytica*, 99, 167-173.
- Patel, A.S., Sasidharan, N., Vala, A.G. (2011). Research article genetic relation in *Capsicum annum* L. cultivars through microsatellite markers: SSR and ISSR. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 2, 67-76.
- Pech-May, A.M., Castañón-Nájera, G., Tun-Suárez, J.M., Mendoza-Elos, M., Mijangos-Cortés, J.O., Pérez-Gutiérrez, A., and Latournerie-Moreno, L. (2010). Combining ability and heterotic effects in sweet pepper populations (*Capsicum annum* L.). *Revista Fitotecnia Mexicana*, 33, 353-360.
- Pérez-Castañeda, L.M., Castañón-Nájera, G., Ramírez-Meraz, M., Mayek-Pérez, N. (2015). Avances y perspectivas sobre el estudio del origen y la diversidad genética de *Capsicum* spp. Artículo de revisión. *Ecosistemas y recursos Agropecuarios*, 2, 117-128.
- Pérez-Grajales, M., González-Hernández, V.A., Peña-Lomelí, A., Sahagún-Castellanos, J. (2009). Combining ability and heterosis for fruit yield and quality in manzano hot pepper (*Capsicum pubescens*) landraces. *Rev. Chapingo S. Hort*, 15, 103-109.
- Peña-Lomelí, A., Molina-Galán, J.D., Cervantes-Santana, T., Márquez-Sánchez, F., Sahagún-Castellanos, J., and Ortiz-Cereceres, J. (1998). Heterosis intervarietal en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). *Revista Chapingo, Serie Horticultura*, 4, 31-37.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Peña-Yam, L., Muñoz-Ramírez, L.S., Avilés-Viñas, S.A., Canto-Flick, A., Pérez-Pastrana, J., Guzmán-Antonio, A., Santana-Buzzy, N. (2019a). Analysis of Genetic Parameters of Habanero Pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) in the Yucatán, México. *Hortscience*, 54, 429–433.

Peña-Yam, L.P., Muñoz-Ramírez, L.S., Avilés-Viñas, S.A., Canto-Flick, A., Guzmán-Antonio, A., Santana-Buzzy, N. (2019b). Floral biology studies in habanero pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) to implement in a crossbreeding program. *Agriculture-London*, 9, 249. <https://doi.org/10.3390/agriculture9120249>.

Peña-Yam, L.P. (2020). Selección de progenitores de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) para la obtención de híbridos con alto potencial productivo. Tesis para obtener el grado de Doctor en Ciencias Biológicas, Centro de Investigación Científica de Yucatán, México. pp. 132.

Pistorale, S.M., Abbott, L.A., Andrés, A. (2008). Diversidad genética y heredabilidad en sentido amplio en agropiro alargado, *Thinopyrum ponticum*. *Ciencia e investigación agraria*, 35, 259-264.

Picó Sirvent, M. B., and Esteras Gómez, C. (2012). Marcadores moleculares basados en PCR: Marcadores SSR o STR (Simple Sequence Repeats o Short Tandem Repeats). Microsatélites.

Plus, S. (1994). Statgraphics Plus 5.0. Statistical Graphics Corporation, 2000.

Puc-Chan, M.M. (2015). Selección de fuentes parentales para el mejoramiento de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.). Tesis en opción al grado de Doctor en Ciencias. Centro de Investigación Científica de Yucatán. México. pp. 44.

Prasad, B., Reddy, K.M., and Sadashiva, A.J. (2003). Heterosis studies in chili (*Capsicum annum* L.). *Indian Journal Horticulturae*, 60, 69-74.

Ramírez, M. M.; Arcos C. G.; Méndez, A. R. y Meneses, M. I. 2018b. Variedades e híbridos de chile para el trópico de México. In: producción agropecuaria, un enfoque integrado. Meza, V. V. M. y Chay, C. A. J. (Ed.). Universidad del Papaloapan. México. p: 29-38.

Ramírez, M.M.; Arcos-Cavazos, G. y Méndez-Aguilar, R. 2018a. Jaguar, cultivar de chile habanero para México. *Rev. Méx. Cien. Agr.* 9:487-492.

- Ramírez-Meraz, M., Villalón-Mendoza, H., Aguilar-Rincón, V. H., Corona-Torres, T. y Latournerie-Moreno, L. (2015). Caracterización morfológica de chiles silvestres y semidomesticados de la Región Huasteca de México. *Agroproductividad*, 8, 9-16.
- Ribeiro, C.S., Souza, K.R., Carvalho, S.I., and Reifschneider, F.J. (2015.) Juruti: the first Brazilian habanero type hot pepper cultivar. *Horticultura Brassileira*, 33, 527-529.
- Ridzuan, R., Rafii, M.Y., Mohammad Yusoff, M., Ismail, S.I., Miah, G., Usman, M. (2018). Genetic diversity analysis of selected *Capsicum annuum* genotypes based on morphophysiological, yield characteristics and their biochemical properties. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, 99, 269-280.
- Rizwan, M., Hussain, M., Shimelis, H., Hameed, M.U., Atif, R.M., Azhar, M. T., and Asif, M. (2018). Gene flow from major genetically modified crops and strategies for containment and mitigation of transgene escape: A review. *Applied Ecology Environmental Resources*, 17, 11191-11208.
- Ríos E., Mejía-Ruiz, H., Álvarez-Castañeda, S. (2009). Marcadores moleculares: una revolución en la zoología. Obtenido de [http://www. revistaciencia. amc. edu. mx/images/revista/60_3/PDF/01-496-Marcadores-moleculares. pdf](http://www.revistaciencia.amc.edu.mx/images/revista/60_3/PDF/01-496-Marcadores-moleculares.pdf). pp. 5-13.
- Robi, R. and Sreelathakumary, I. (2004). Influence of maturity at harvest on capsaicin and ascorbic acid content in hot chili (*Capsicum chinense* Jacq.). *Capsicum & Eggplant Newsletter*, 23, 13-16.
- Robles, S.R. (1986). Genética elemental y fitomejoramiento práctico. pp. 477. https://scholar.google.es/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&q.
- Rohlf, F.J. (1998). NTSYS-pc ver. 2.02. Numerical taxonomy and multivariate analysis system. Exeter Publ., Setauket, NY.
- Rodríguez, Y., Casanova, A.S., Rodríguez, S.R., Camejo, C.M., Felipe, A., Aulán, N. (2018). Nuevas combinaciones híbridas de pimiento para el sistema de cultivo protegido de buen potencial de rendimiento. *Cultivos tropicales*, 38, 51-59.
- Rodríguez, Y., Depestre, T.L., Palloix, A. (2014). Comportamiento en campo abierto de nuevos híbridos y variedades de pimiento (*Capsicum annuum* L.) multirresistentes a virus. *Cultivos tropicales*, 35, 51-59.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Roldán-Ruíz, I., Van Eeuwij, K.F.A., Gilliland, T.I., Dubreuil, P., Dillmann, C., Lallemand, J., de Loose, M., Baril, C.P. (2001). A comparative study of molecular and morphological methods of describing relationships between perennial ryegrass (*Lolium perenne* L.) varieties. *Theor. Appl. Genet.* 103, 1138-1150.

Rovaris, S.R.S., Araújo, P.M., Garbuglio, D.D., Prete, C.E.C., Zago, V.S., Da Silva L.J.F. (2011). Estimates of genetic parameter in maize commercial variety IPR 114 at Paraná State, Brazil. *Acta Scientiarum. Agron. Maringá*, 33, 621-625.

Ruiz-Bello, R., Nava-Tablada, M.E., Landeros-Sánchez, C., Díaz-Padilla, G. (2016). Potencial productivo y limitantes para el cultivo de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) en el estado de Veracruz, México. *Revista Internacional Desarrollo Regional Sustentable (RINDEERESU)*, 1, 1-11.

Ruiz-Lau, N., Medina, L.F., Martínez, E.M. (2011). "El chile habanero: su Origen y sus Usos." *Ciencia*, pp. 70-77.

Salaya, D.J. (2010). Elaboración artesanal de dos abonos líquidos fermentados y su efectividad en la producción de plántulas de chile habanero (*Capsicum chinense* J.). Tesis de Maestría. Colegio de Postgraduados, Campus Tabasco. Cárdenas, Tabasco. pp. 44.

Sánchez de la Hoz, M.P., Dávila, J.A., Loarce, Y., Ferrer, E. (1996). Simple sequeace repeat primers used in polymerase chain reaction amplifications to study genetic diversity in barley. *Genome*, 39, 112-117.

Santana-Buzzy, N. (2018). Chile habanero de Yucatán único en el mundo. Inforural. Carrusel, Ciencia, Newsletter, Yucatán por Marytere Narvaéz, Agencia Informativa del CONACyT. [Online] (Actualizado 16 enero 2017). Disponible en: <http://www.inforural.com.mx/chile-habanero-de-Yucatán-unico-en-el-mundo/>. [Acceso 10 enero 2019].

Santana-Buzzy N., Canto-Flick A., Balam-Uc E., Avilés-Viñas S., Zetina-Rosado G., Montalvo-Peniche M.C., Valle-Gough R., Bello-Bello J., Lecona-Guzmán C., Solís-Marroquín D., Gómez-Uc E., Muñoz-Ramírez L., Peña-Yam L., Pérez- Pastrana J. Guzmán-Antonio A. (2018). Mejoramiento genético de chile habanero: Selección y registro de variedades mejoradas. En: Mejoramiento genético del chile habanero de la Península de Yucatán, Mérida, México: Centro de Investigación Científica de Yucatán. pp.67-75.

Santana-Buzzy, N., Canto-Flick, A., Balam-Uc, E., Gil, M. A. (2016). 'Mayan Kisin', a High-yielding, Red-fruited, habanero-type Hot Pepper (*Capsicum chinense* Jacq.) Cultivar. *HortScience*, 51, 604-605.

Santiago-López, U., Ramírez-Meraz, M. y Méndez-Aguilar, R. (2020). HMG14E, híbrido de chile guajillo para el altiplano de San Luis Potosí, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 43:243-244.

Scoville W. L. (1912). Note on *Capsicum*. *Jam Pharm Assoc*, 1, 453–454.

Seneviratne, K.G.S., and Kannangara. K.N. (2004). Heterosis, heterobeltiosis and commercial heterosis for agronomic traits and yield of Chili (*Capsicum annumm* L.). *Ann. Sri Lanka Depar. Agic.* 6, 195-201.

Sharma, V.K., Semwal, C.S., Uniyal, S.P. (2010). Genetic variability and carácter association analysis in bell pepper (*Capsicum annumm* L.). *J. Hortic For.*, 2, 58–65.

Sharopova, N., Mcmullen, M.D., Schultz, I., Schroeder, S., Sanchez-Villeda, H., Gardiner, J., Bergstrom, D., Houchins, K., Melia-Hancock, S., Musket, T., Duru, N., Polacco, M., Edwards, K., Ruff, T., Register, J.C., Brouwer, C., Thompson, R., Velasco, R., Chin, E., Lee, M., Woodman-Clikeman, W., Long, M.J., Liscum, E., Cone, K., Davis, G., Coe, E.H. (2002). Development and mapping of SSR markers for maize. *Plant Molecular Biology*, 48, 463-481.

Shrestha, S.L., Luitel, B.P., and Kang, W.H. (2011). Heterosis and heterobeltiosis studies in sweet pepper (*Capsicum annumm* L.). *Horticulture, Environment, and Biotechnology*, 52, 278-283.

Shull, G. (1948). What is "heterosis"? *Genetics*, 33, 439.

Singh, B. (2016). *Plant Breeding: Principles and Methods*. Kalyani publishers, New Delhi, India.

https://scholar.google.es/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&q=55.%09Singh%2C+B+%282016%29+Plant+Breeding%3A+Principles+and+Methods.+Kalyani+publishers%2C+New+Delhi%2C+India.+&btnG=

Singh, Y., Sharma, M., Sharma, A. (2009). Genetic variation, association of characters, and their direct and indirect contributions for improvement in chili peppers. *Int J Veg Sci.*, 15, 340–368.

Singh, R.K., and Chaudhary, B.D. (1985). *Biometrical methods in quantitative genetic analysis*. Second Edition. New Delhi, Ludhiana, Kalyani Publishers. New Delhi, India, pp 318.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Singh, D. (1973). Diallel analysis for combining ability over several environments-II. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding*, 33, 469-481.

SIAP, (2019). Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera, México. (Online) (Actualizado 16 enero 2019). Disponible en: <http://siap.gob.mx>. México. [Acceso 10 enero 2023].

Sieczko, L., Masny, A., Pruski, K., Żurawicz, E., Mądry, W. (2015). Multivariate assessment of cultivars' biodiversity among the Polish strawberry core collection. *Horticultural Science*, 42, 83-93.

Silva-Aguilar, F. (2011). Estimación de parámetros genéticos en el contenido de capsaicina y rendimiento en una cruce de pimentón cultivar serrano y ají Cayenne (*Capsicum annum* L.) por medio del análisis de medias generacionales. Tesis de Maestría. Palmira, Colombia. pp. 73.

Silva, W. C., de Carvalho, S. I. C., Duarte, J. B. (2013). Identification of minimum descriptors for characterization of *Capsicum* spp. germplasm. *Horticultura Brasileira*, 31, 190-202.

Smith, J. S. C., Chin, E. C. L., Shu, H., Smith, O. S., Wall, S. J. (1997). An evaluation of the utility of SSR loci as molecular markers in maize (*Zea mays* L.): comparison with data from RFLPs and pedigree. *Theor. Appl. Genet.* 95, 163–173.

SMN. Servicio Meteorológico Nacional. (2017). Disponible en: <https://smn.conagua.gob.mx/es/> [acceso 10 Julio 2017].

SNICS. (2020). Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas. Catálogo Nacional de Variedades Vegetales. <https://datastudio.google.com/reporting/5b7206ba-e190-48fe9696-73523bfccf58/page/itBWB>

SNICS, (2015). Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas. Catálogo Nacional de Variedades Vegetales. SAGARPA-SNICS, México. pp. 10. <https://datastudio.google.com/reporting/5b7206ba-e190-48fe9696-3523bfccf58/page/itBWB>.

Sprague, G.F., and Tatum, L.A. (1942). General versus specific combining ability in single crosses of corn. *J. Am Soc. Agron*, 34, 923-932.

Srivastava, A., Bhardwaj, V., Singh, B. P., Khurana, S. M. (2016). Potato diversity and its genetic enhancement. In: Gene pool diversity and crop improvement. Springer, Cham. pp. 187-226.

Stommel, J.R., and Griesbach, R. (2008). Inheritance of fruit, foliar, and plant habit attributes in *Capsicum*. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 133, 396-407.

Sweat, K.G., Broatch, J., Borrer, C., Hagan, K., and Cahill, T.M. (2016) Variability in capsaicinoid content and Scoville heat ratings of commercially grown Jalapeño, habanero, and Bhut Jolokia peppers. *Food Chemistry* 210, 606-612.

Tamayo-Contreras, H. L. (2010). , H. L. (2010). Caracterización molecular inter e intra genotípica de 16 accesiones de *Chenopodium quinoa* (quinua) mediante la técnica de ISSR. Tesis de maestría, Universidad Nacional Agraria la Molina, Lima, Perú, pp. 84.

Tapia-Tussell, R.; Quijano-Ramayo, A.; Rojas-Herrera, R.; Larque-Saavedra, A.; Perez-Brito, D. (2005). A fast, simple, and reliable high-yielding method for DNA extraction from different plant species. *Mol. Biotechnol.* 31, 137–139.

Teodoro, A.F.P., Alves, R.D.B., Ribeiro, L.B., Reis, K., Reifschneider, F.J.B., Fonseca, M.E.D.N., and Agostini-Costa, T.D.S. (2013). Vitamin C content in habanero pepper accessions (*Capsicum chinense*). *Horticultura Brasileira*. 31, 59-62.

Temnykh. S., Park, W.D., Ayres, N.M., Cartinhour, S., Hauck, N., Lipovich, L., Cho, Y.G., Ishii, T., McCouch, S.R. (2000). Mapping and genome organization of microsatellite sequences in rice (*Oryza sativa* L.). *Theor. Appl. Genet*, 100, 697-712.

Toledo-Aguilar R., López-Sánchez, H., Santacruz-Varela, A., Valadez-Moctezuma, E., López, P. A., Aguilar-Rincón, V. H., González-Hernández, V. A. and Vaquera-Huerta, H. (2016). Characterization of genetic diversity of native 'Ancho' chili populations of México using microsatellite markers. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 7, 18-26.

Tomas, P. A., Zietz, R., and Cerino, M. C. (2017). Análisis de diversidad genética en *Ziziphus mistol* griseb. mediante marcadores moleculares ISSR. *Fave. Sección ciencias agrarias*, 16, 153-162.

Tomas, P.A., Gottlieb, A.M., Schrauf, G.E. y Poggio, L. (2013). Utilización de marcadores morfológicos y moleculares AFLP en la identificación de germoplasma nativo y cultivado de *Elymus scabrifolius* (Poaceae). *Rev. FCA UNCUYO*, 45, 85-100.

Trejo-Saavedra, D.L. (2002). Desarrollo y validación de metodología para la detección de transgenes en organismos genéticamente modificados y sus subproductos. PhD Tesis,

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Centro de Investigación y Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional (CINVESTAV), Irapuato, Guanajuato, México.

Troconis-Torres, I.G. (2012). Huella genética de cultivares de *Capsicum Annuum* L. y su relación con el perfil de carotenoides y fenoles. Tesis para obtener el grado de Doctor en Ciencias Biológicas, Instituto Politécnico Nacional, Escuela Nacional de Ciencias Biológicas, México, D.F. pp. 64.

Tripathi, A., Mishra, D.K., Shukla, J.K. (2013). Genetic variability, heritability and genetic advance of growth and yield components of *Jatropha* (*Jatropha curcas* L.) genotypes. *Trees (Berl.)*, 27, 1049–1060.

Tripathi, S., Sridhar, V., Jukanti, A.K., Suresh, K., Rao, B.V., Gowda, C.L.L., Gaur, P.M. (2012). Genetic variability and interrelationships of phenological, physicochemical and cooking quality traits in chickpea. *Plant Genet. Resources*, 10, 194–201.

Tucuch-Haas, C. J., Alcántar-González, G., Ordaz-Chaparro, V.M., Santizo-Rincón, J. A., Larqué-Saavedra, A. (2012). Producción y calidad de chile habanero (*Capsicum chinense* Jacq.) con diferentes relaciones $\text{NH}_4^+/\text{NO}_3^-$ y tamaño de partícula de sustratos. Sociedad Mexicana de la Ciencia del Suelo, A.C. Chapingo, México. *Terra Latinoamericana*, 30, 9-15.

Turgut, I. (2003). Determination of combining ability effects and heterosis by line x tester analysis method in maize (*Zea mays indentata* Sturt.). *Journal of Faculty of Agriculture, Uludag University* (Turkey). <https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=TR2004000282>.

Thul, S.T., Lal, R.K., Shasany, A.K., Darokar, M.P., Gupta, A.K., Gupta, M.M., Khanuja, S.P.S. (2009). Estimation of phenotypic divergence in a collection of *Capsicum* species for yield related traits. *Euphytica*, 168, 189–196.

USDA. Natural Resources Service. (2016). (Online). Plans profile. Disponible en: <http://plants.usda.gov/java/ClassificationServlet?source=display&classid=CAPSI>. [Acceso 29 abril 2019].

Usman, MG., Rafii, M.Y., Ismail MR, Malek, M.A., Abdul, L.M. (2014). Heritability and genetic advance among chili pepper genotypes for heat tolerance and morphophysiological characteristics. *Sci World J*. pp. 1–14.

Vallejo, F.A., Cruz, R.C., Estrada, E.I. (2013). Mejoramiento Genético de Plantas. (2da Edición). Palmira, Colombia. Editorial Universidad Nacional de Colombia. pp. 35.

Villa-Castorena, M., Catalán-Valencia, E. A., Inzunza-Ibarra, M.A., Román-López, A., Macías-Rodríguez, H., Cabrera-Rodarte, D. (2014). Producción hidropónica de chile habanero en invernadero. Disponible en: https://scholar.google.es/scholar?hl=es&as_sdt=0%2C5&q. [Acceso 29 abril 2019].

Verdugo, S.H., España, R.G.L., Pena, P.S., Romero, M.V., Terraza, S.P., Porras, F., Madrid, J.L.C. (2008). Variación fenotípica entre y dentro de poblaciones silvestres de chile del noroeste de México. *Rev. Fitotec. Mex*, 31, 323–330.

Wang, L.Y., Li, S.S., Wang, T.Y., He, C.Y., Luo, H.M., Zhang, J.G., and Zeng, Y.F. (2021). Genomic SSR and EST-SSR markers for phylogenetic and pedigree reconstructions a comparison in sea buckthorn. *Plant Breeding*, 140, 167-183.

Weising, K., Nybom, H., Wolff, K., Kahl, G. (2005). Application of DNA fingerprinting in plant sciences. In DNA fin-gerprinting in plants: Principles, Methods, and Applications, CRC Press. Boca Raton, pp. 235-276.

Wu, X., Liu, Y., Zhang, Y., and Gu, R. (2021). Advances in Research on the Mechanism of Heterosis in Plants. *Frontiers in Plant Science*, 2124.

Yasmin, S., Islam, M.S., Kondoker, M., Nasiruddin, M., Alam, S. (2006). Molecular characterization of potato germplasm by Random Amplified Polymorphic DNA markers. *Biotechnol.* 5, 27-31.

Ye, Y.J., Feng, L., Liang, X.H., Liu, T.T., Cai, M., Cheng, T.R., Wang, J., Zhang, Q.X., and Pan, H.T. (2019). Characterization, validation, and cross-species transferability of newly developed EST-SSR markers and their application for genetic evaluation in crape myrtle (*Lagerstroemia* spp). *Molecular Breeding*, 39, 26–32.

Yu, D., Gu, X., Zhang, S., Dong, S., Miao, H., Gebretsadik, K., and Bo, K. (2021). Molecular basis of heterosis and related breeding strategies reveal its importance in vegetable breeding. *Horticultural Research*, 8, 1-17.

Zavala, N.P. (2017). Formación y evaluación de híbridos internacionales de chile para producción en invernadero. Tesis de Ingeniero Agrónomo. Universidad autónoma Agraria Antonio Navarro. pp. 42.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

Zhang, S., Huang, X., and Han, B. (2021). Understanding the genetic basis of rice heterosis: Advances and prospects. *Crop Journal*, 9, 688-692.

Zhang, J., Lin, M., Chen, H., Zhu, Q., Chen, X. (2018). Floral biology and pistil receptivity of the drumstick tree (*Moringa oleifera* Lam.). *Arch. Biol. Sci.*, 70, 299-305

Zhao, W.G., Zhang, J.Q., Wang, Y., Chen, T.T., Yin, Y.L., Huang, Y.P., Pan, Y.L., and Yang, Y.H. (2006). Analysis of genetic diversity in wild populations of mulberry from western part of Northeast China determined by ISSR markers. *Journal of Genetics and Molecular Biology*, 17, 196-203.

Zewdie, Y., Bosland, P.W., and Steiner, R. (2000). Combining ability and heterosis for capsaicinoids in *Capsicum pubescens*. *HortScience*, 36, 1315-1317.

ANEXOS

Anexo 2. Evaluación de la eficiencia de cruzamientos en progenitores de chile habanero (*C. chinense*).



Cruzamiento logrado



Frutos logrados



Anexo 5. Caracterización de planta de progenitores e híbridos F₁ de chile habanero.



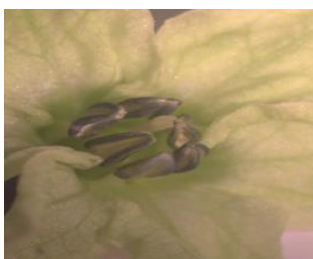
Flores por nudos



Posición de la flor



Posición del estigma



Color de las anteras



Antocianina del nudo



Color de la corola

Anexo 5.1 Caracterización del fruto de progenitores e híbridos F₁ de chile habanero (*C. chinense*).

Peso del fruto



Longitud del fruto



Ancho del fruto



Ondulación transversal



Grosor del pericarpio



Longitud de la placenta



Grosor del pedúnculo



Forma del ápice

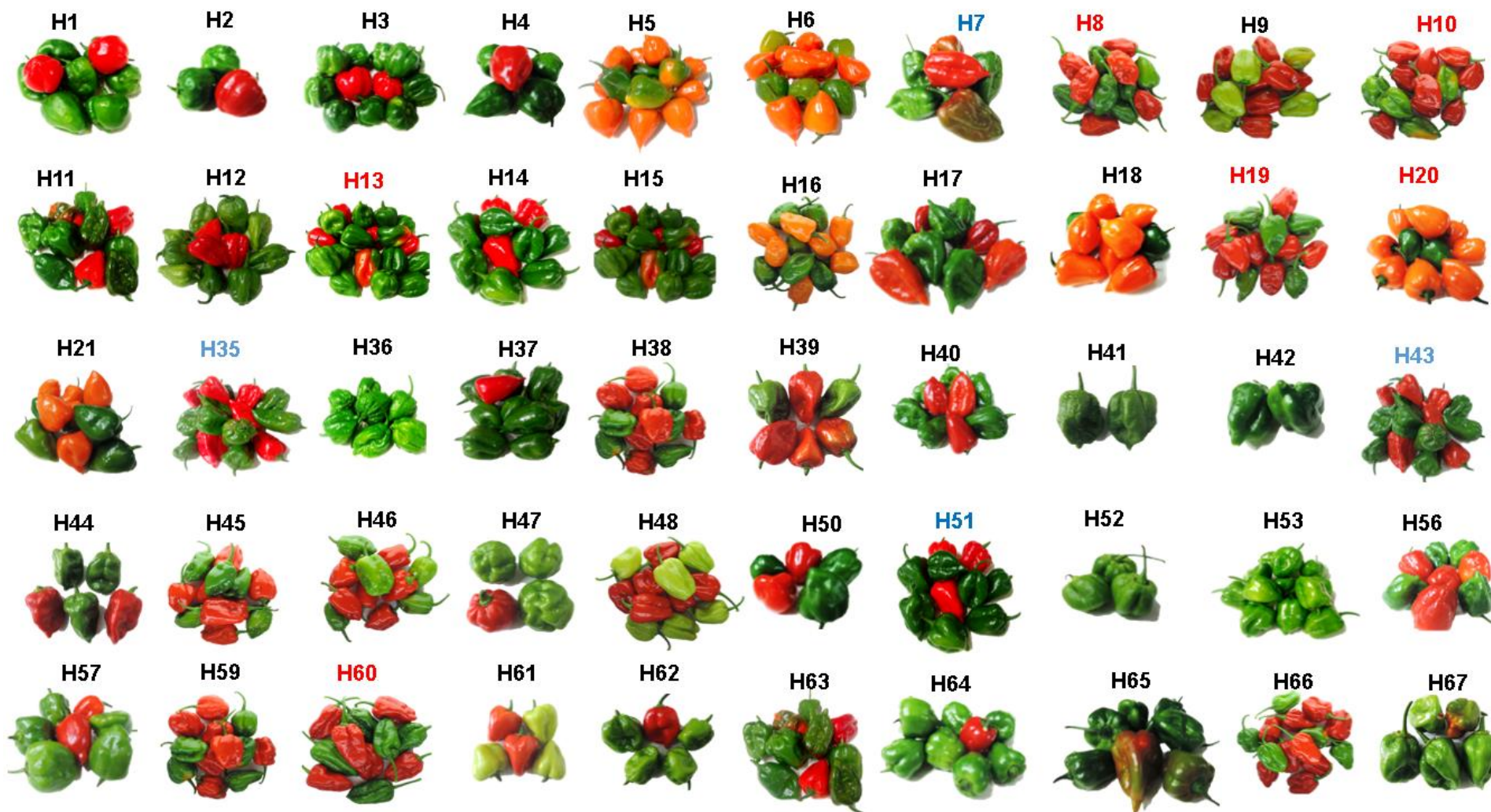


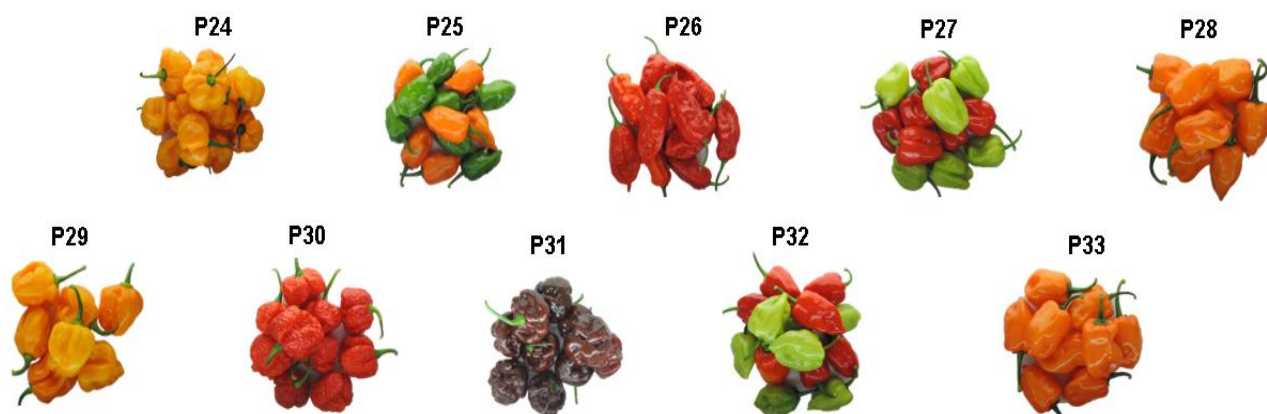
Extracción de capsaicina



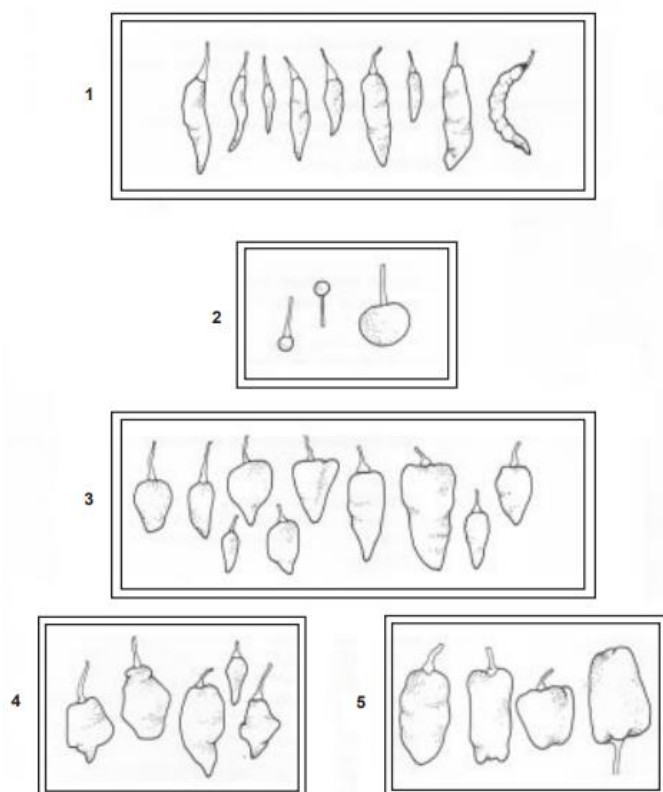
Número de lóculos

Anexo 5.2. Diversidad en la forma y color de los híbridos de chile habanero (*C. chinense* J.) obtenidos y sus progenitores.





Anexo 5.3. Explicación gráfica de algunos de descriptores más utilizados en la caracterización de progenitores e híbridos de chile habanero.



La forma del fruto se describe de la siguiente manera en el descriptor del género *Capsicum* IPGRI (1995): 1- elongado; 2- casi Redondo; 3-Tringular; 4- En forma de campana y 5- Bloques en forma de campana.

Tipo de epidermis del fruto



Rugoso



Semi-Rugoso



liso

Color del fruto en estado inmaduro y maduro

Inmaduro	Maduro	
 verde intenso	 Amarillo	 Rojo
 Verde claro	 Naranja	 Morado

Anexo 6. Extracción del DNA Genómico en hojas de chile habanero (*C. chinense*).