



## Caracterización genética y morfológica de colectas de aguacate (*Persea americana* Mill.) del municipio de Guasave Sinaloa

Peraza-Magallanes A. Y., Caldera-Soto J. E., Espinoza-Montoya V., Sandoval-Castro E., Calderón-Vázquez C. L., Instituto Politécnico Nacional. Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Sinaloa. Laboratorio de Genómica Funcional. Boulevard Juan de Dios Bátiz Paredes. no. 250. Guasave, Sinaloa, México. CP 81000, \*ccalderon@ipn.mx.

*Palabras clave:* *Persea americana* Mill, *microsatélites*, *diversidad genética*.

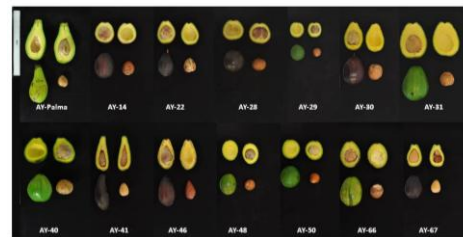
**Introducción.** El aguacate es una especie altamente variable, y se ha observado que las relaciones existentes entre las variedades descritas reflejan una larga historia de cultivo y selección por la humanidad(1). Si bien la variedad Hass es la más conocida y de mayor producción mundial también existe una gran cantidad de colectas tales como las que se cultivan en la región de Guasave Sinaloa, principalmente en huertos familiares, usadas para autoconsumo o para comercializar en el mercado local. Estas colectas aun no han sido caracterizadas fenotípica ni genéticamente. Con fines de potenciar la producción de aguacate, este trabajo consiste en caracterizar las variables morfológicas de los frutos de aguacate y determinar la composición genética y estructura de la población mediante marcadores moleculares tipo microsatélite (SSR).

**Metodología.** Se realizó la colecta de frutos y hojas de 48 individuos de aguacate del valle de Guasave Sinaloa los cuales fueron objeto de caracterización morfológica y genética. Se evaluaron caracteres morfológicos del fruto de acuerdo a los descriptores IPGRI (2) para un análisis de componentes principales (PCA).

Para la caracterización genética, se incluyeron individuos de aguacate de las razas, mexicana, guatemalteca y antillana, además de la cv. Hass. Las 56 muestras fueron amplificadas con ocho marcadores SSR (AVD001, AVD006, AVD013, AVD022, AVO102, LMAV27, LMAV33 y ESTAVT04). Los primeros 5 seleccionados por ser altamente polimórficos y los últimos 3 por presentar alelos específicos a la raza Antillana (3, 4). Los fragmentos obtenidos se resolvieron por electroforesis capilar con el equipo Genetic Analyzer 3500 de Life technologies. El programa GeneMarker 2.2.0 se usó para la lectura del tamaño de los alelos. El número y las frecuencias alélicas, así como la heterocigosidad observada y esperada para cada locus se calcularon con el programa GDA (5). Se está trabajando en determinar la estructura de la poblacional de los sitios de colecta con el programa STRUCTURE 2.2.3. (6) y se construirá un fenograma para visualizar la relación genética entre los sitios de colecta y entre las razas de aguacate previamente identificadas utilizando el programa PHYLIP (7).

**Resultados.** Los frutos de las colectas presentaron gran variabilidad de peso total del fruto (170-779 g), longitud

del fruto (9.3-18 cm), peso de la semilla (24.5-162 gr) y longitud de la cavidad de la semilla (5.5-10.5). En la fig. 1 se muestran frutos de algunos individuos de aguacate colectados en Guasave.



**Fig. 1.** Frutos representativos de individuos de aguacate colectados en la región de Guasave.

El número de alelos por locus fue de 20 alelos para AVO102, 19 para AVD006, 16 para AVD001, 13 para AVD013 y ESTAVTC04, 12 para LMAV33, 11 para AVD022 y 5 para LMAV27, en promedio, se encontró un valor de 13.6 alelos por locus, mientras que en los trabajos que reportaron los marcadores utilizados obtuvieron valores de 10.4 y 11.4 alelos por locus (3, 4).

**Conclusiones.** Se encontró gran diversidad morfológica y genética, los que nos demuestra que los individuos de la región de Guasave representan un gran acervo genético que podría emplearse para realizar mejoramiento asistido por marcadores moleculares y de esta forma optimizar la producción y comercialización del fruto de aguacate.

**Agradecimiento.** Al Dr. Michael T. Clegg (UCI) por proveer los marcadores y a la Secretaría de Investigación y Posgrado (proyecto SIP-IPN 20144021) por el financiamiento.

### Bibliografía.

1. Ashworth V, Clegg M. (2003). Journal of Heredity. 94:407-415.
2. IPGRI (1995). ISBN: 92-9043-220-9
3. Alcaraz M, Hormaza J. (2007) *Hereditas*, 144:244-253.
4. Gross E, Viruel M. (2013). Tree Genetics & Genomes 9:539-555.
5. Lewis P, Zaykin D (2001) Computer program for the analysis of allelic data.
6. Pritchard J, Stephens M. Donnelly P. (2000). Genetics 155:945-959
7. Felsenstein J. (1989). PHYLIP. Cladistics 5: 164-166.