

Análisis genético de variantes de aguacate Hass mediante SSRs y EST-SSRs

Héctor Guillén-Andrade¹

Elizabeth Martínez¹

Ana Karen Escalera-Ordaz^{1,5}

Luis Mario Tapia Vargas²

1 Facultad de Agrobiología 'Presidente Juárez'-Unidad de Investigaciones Avanzadas en Agrobiotecnología-Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Paseo Lázaro Cárdenas esquina con Berlín S/N, Emiliano Zapata, Uruapan, Michoacán, México. CP. 60170. Tel. 452 5236474. (hector.guillen@umich.mx; mare93e@gmail.com).

2 Campo Experimental Uruapan-INIFAP. Avenida Latinoamericana 1101, Colonia Revolución. Uruapan, Michoacán, México. CP. 60250. Tel. 452 5237392. (mariotv60@hotmail.com).

Autora para correspondencia: ana.karen.escalera.ordaz@gmail.com

Resumen

La investigación fue desarrollada en el Laboratorio de Recursos Fitogenéticos de la Facultad de Agrobiología 'Presidente Juárez', Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo, en los años 2020 y 2022. El objetivo fue determinar la viabilidad de los marcadores moleculares del tipo SSRs y EST-SSRs y su utilidad para la discriminación de variantes de aguacate de la variedad Hass. Con este propósito fueron analizados siete genotipos variantes de aguacate Hass y la variedad Hass mediante 19 marcadores SSRs y nueve EST-SSRs. El programa InfoGen 2016 ayudó a determinar el contenido de información polimórfica (PIC) y los siguientes parámetros genéticos: diversidad genética (I), heterocigosidad (He) y número de alelos efectivos (Na) por locus. Las distancias genéticas fueron estimadas utilizando el criterio del índice de Jaccard aplicando el método de agrupamiento jerárquico de Neighbor-joining. El análisis determinó un total de 757 bandas, un promedio de 27.03 alelos/locus marcador y un valor de PIC promedio de 28.61%. En cuanto a los parámetros genéticos, el genotipo EM2HG presentó el mayor valor de diversidad genética ($I=0.47$), un PIC de 0.36 y un $Na=1.92$. La variedad Hass y la variante EM6HG presentaron la mayor similitud genética (43%). Estos resultados muestran la viabilidad de los marcadores SSRs y EST-SSRs para la discriminación de genotipos de aguacate Hass estrechamente relacionados.

Palabras clave:

Persea americana, diversidad genética.



Introducción

El aguacate Hass es la principal variedad comercializada mundialmente, debido a la alta calidad de su pulpa, entre otras cualidades. México es el principal país productor con casi 2.6 millones de toneladas (SIAP, 2023) y se posiciona como líder mundial en la exportación con un 47.5% del valor de las exportaciones mundiales (ITC-Trade Map, 2023). En México, el estado de Michoacán es el principal productor con una participación de 74.21% de la producción nacional, lugar que obtiene por las 183 385 ha sembradas (SIAP, 2023). En esta región existe en una gran variedad de condiciones agroclimáticas que han favorecido la identificación de genotipos con diferencias morfológicas con respecto a la variedad Hass (Gutiérrez-Contreras *et al.*, 2010).

La evaluación de la variabilidad del aguacatero se ha hecho principalmente con base en caracteres morfológicos; sin embargo, este nivel descriptivo es limitado ya que la expresión de los genes está sujeta a factores ambientales, al respecto, el uso de técnicas moleculares ofrece la ventaja de trabajar directamente con la base genética de los individuos para realizar una identificación más precisa y acelerar los trabajos de selección para el mejoramiento genético y aprovechamiento de la diversidad existente.

Los estudios previos sobre variabilidad genética en el cultivo del aguacate han estado orientados al conocimiento y mantenimiento de la diversidad genética existente. Los marcadores basados en los polimorfismos de la longitud de los fragmentos de restricción (RFLP), por sus siglas en inglés (Botstein *et al.*, 1980), se han utilizado en estudios evolutivos, filogenéticos y genealógicos (Galindo-Tovar *et al.*, 2011).

Los marcadores basados en ácido desoxirribonucleico (ADN) polimórfico amplificado al azar (RAPD, por sus siglas en inglés) (Robarts y Wolfe, 2014) y los microsatélites o secuencias simples repetidas (SSRs), por sus siglas en inglés (Litt y Luty, 1989) han sido utilizados para estudios similares en las tres razas hortícolas y en variedades de interés comercial (Abraham y Takrama, 2014; Ferrer-Pereira *et al.*, 2017; Sánchez-González *et al.*, 2019; Liu *et al.*, 2020). Los marcadores SSRs detectan secuencias repetidas del tipo (GT) n o (CT) n con un alto grado de variación en el número de repeticiones, en diferentes individuos (Litt y Luty, 1989); se utilizan iniciadores específicos los cuales se hibridan en regiones conservadas que flanquean la región específica del ADN que contiene las secuencias repetidas (Masuelli, 1999).

Estos marcadores son considerados como una técnica más robusta e informativa que los RFLPs, RAPDs y AFLPs. Son de herencia mendeliana simple, codominantes, fáciles de medir y analizar, tienen una confiabilidad de 100%, son reproducibles y automatizables. El rápido grado de evolución de los microsatélites permite que sean marcadores confiables al estudiar individuos con relaciones genéticas cercanas. Además, los datos de *loci* nucleares son esenciales para obtener un panorama general del potencial evolutivo y la historia del aguacate (Galindo-Tovar *et al.*, 2011).

Por otro lado, los marcadores de secuencia expresada-secuencias simples repetidas (EST-SSRs), por sus siglas en inglés, son secuencias cortas obtenidas de clones de ADN complementario (ADNc) y sirven como pequeños identificadores de genes. Estos iniciadores son capaces de proporcionar una estimación aproximada de los genes que están expresados activamente en el genoma a los cuales se encuentran vinculados, por lo que representan marcadores potencialmente funcionales (Dillon *et al.*, 2014), tienen como ventaja que pueden ser generados fácilmente de diferentes tipos de células, son altamente polimórficos y de naturaleza codominante.

Los iniciadores que flanquean las secuencias EST-SSRs se derivan de secuencias relativamente conservadas por lo que es probable que los alelos nulos sean un problema menor para este tipo de marcadores en contraste con los SSRs (Ellis y Burke, 2007). Los marcadores EST-SSRs desarrollados para una especie en específico, pueden ser utilizados con éxito para estudios de diversidad, cartografía comparativa y selección asistida por marcadores. Sin embargo, esta técnica no es tan eficiente como los SSRs debido al menor nivel de polimorfismo que detectan y por lo tanto, no son tan eficientes para discriminar genotipos estrechamente relacionados.

Los marcadores del tipo microsatélites, por su naturaleza codominante y alta tasa de mutación, permiten la estimación de la diversidad genética dentro y entre razas, así como la mezcla genética entre razas, incluso si están estrechamente emparentadas (Sunnucks, 2000), esta característica los hace muy útiles para análisis del grado de relación entre individuos o grupos (Al-Samarai y Al-Kazaz, 2015). Este tipo de marcadores se han probado con éxito en estudios de diversidad genética en genotipos de aguacate con niveles estrechos de parentesco como híbridos de la raza mexicana (Sánchez-González *et al.*, 2019), así como en otros cultivos como arroz (Pérez-Almeida *et al.*, 2011), algodón (Abdurakhmonov *et al.*, 2008) y uva (Cipriani *et al.*, 2008), entre otras especies.

El propósito de la investigación fue evaluar la viabilidad de los marcadores SSRs y EST-SSRs para estudios de diversidad genética en genotipos estrechamente relacionados. en este caso, variantes de la variedad Hass identificadas en la franja aguacatera del estado de Michoacán, México.

Materiales y métodos

La investigación se desarrolló en el Laboratorio de Recursos Fitogenéticos de la Unidad de Investigaciones Avanzadas en Agrobiotecnología (UIAA) de la Facultad de Agrobiología 'Presidente Juárez' dependiente de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo del año 2020 a 2022.

Material genético

Los siete genotipos variantes de la variedad Hass incluidos en la investigación proceden de diferentes áreas de la franja aguacatera del estado de Michoacán y se encuentran establecidos en el Banco de Germoplasma de Aguacate de la Facultad de Agrobiología 'Presidente Juárez', ubicado en la localidad de Santa Rosa, Uruapan, Michoacán, entre las coordenadas 19° 22' 35" latitud norte y 102° 01' 38" longitud oeste. Los genotipos fueron seleccionados para el análisis porque presentan diferencias en productividad, precocidad y altura de planta con respecto a la variedad Hass (HASS), estos fueron identificados de la siguiente manera: EM1HG, EM2HG, EM3HG, EM4HG, EM5HG, EM6HG y EM7HG. La variedad Hass fue incluida como testigo.

Aislamiento de ADN genómico total

El ADN fue obtenido con base en el procedimiento descrito por Huang *et al.* (2013), el tejido liofilizado y molido fue obtenido sin la aplicación de nitrógeno líquido, el tiempo de incubación se prolongó a 90 min y la primera etapa de centrifugado fue extendida a 15 min. Para evitar la alta concentración de compuestos fenólicos en la solución de ADN, se sustituyó el cloroformo por diclorometano y la segunda etapa de centrifugación se extendió a 10 min al igual que el resto de las centrifugaciones. La calidad de ADN se verificó mediante electroforesis en gel de agarosa a 1% compuesto por 0.5 g de agarosa disueltos en 50 ml de solución amortiguadora TBE 1X (Tris, Borato y Edta) y 2 μ l de SYBR[®] Safe DNA gel stain (10 000X) y por medio de un espectrofotómetro de ultra-bajo volumen (NanoDropND-000V3.7 de ThermoScientific[®]).

Condiciones de amplificación

Un total de 28 iniciadores: 19 del tipo SSRs y 9 del tipo EST-SSRs (Gross-German, 2013), con excepción del locus bLMAV.01, fueron utilizados en el presente trabajo. La mezcla de reacción para la amplificación del ADN se preparó en 10 μ l compuesta por 0.8 x Red Taq (2x), 0.5 μ M de iniciador hacia adelante (10 μ M) y 0.5 μ M de iniciador de reversa (10 μ M) y 40 ng de ADN (10 ng μ l⁻¹). El programa de amplificación consistió en un ciclo inicial de 94 °C por 5 min, 30 ciclos de desnaturalización de 94 °C por 40 s, 57 °C por 40 s de alineamiento con el iniciador y 72 °C por 19 s de extensión. Finalmente, ciclo de extensión de cinco min a 72 °C. El termociclador utilizado fue un Techne modelo: FTC41H2D. La separación de los fragmentos fue hecha en geles de poliacrilamida al 8% en sistemas verticales de electroforesis de 200 ml (Enduro[™] Power Supplies 300 V) y la identificación de los fragmentos amplificados se logró mediante tinción con nitrato de plata (AgNO₃).

Determinación del nivel de polimorfismo

Para determinar el nivel de polimorfismo detectado por cada uno de los iniciadores, fueron consideradas como bandas polimórficas, aquellas que estuvieron ausentes en al menos uno de los genotipos evaluados, con estos datos se generó una matriz binaria de ausencia/presencia para cada alelo en donde se tradujo como 1 (uno) a la presencia de la banda y 0 (cero) a la ausencia.

Estimación de parámetros genéticos

Para cada locus marcador fueron estimados los siguientes parámetros: contenido de información de polimorfismo (PIC), diversidad genética (I), heterocigosidad (H_e) y número de alelos efectivos (N_a) por locus marcador. Estas determinaciones se hicieron por medio del programa InfoGen 2016 (Balzaniri y Di Rienzo, 2016), con este mismo programa se obtuvieron estimaciones puntuales de Bootstrap con 1 000 repeticiones para los parámetros de variabilidad genética.

A partir de la matriz binaria, se obtuvo una matriz de similaridad genética, con el criterio del índice de Jaccard $a/(a+b+c)$ y la transformación de raíz cuadrada de (1-similitud) (Jaccard, 1908), desarrollados para datos binarios, que permitió obtener y observar la similitud y disimilitud que existe entre los individuos. El dendograma fue construido aplicando el método de agrupamiento jerárquico de Neighbor-joining recomendado para generar grupos por similitud, sobre la matriz de distancias conformada a partir del índice de similitud Jaccard ($\sqrt{1-S}$) con ayuda del programa MEGA5 (Tamura *et al.*, 2011).

Resultados y discusión

Los 28 iniciadores probados detectaron un total de 757 bandas, en su mayoría polimórficas (91.94%). El número de alelos detectado por *locus* marcador varió desde 12 (LMAV.20) hasta 46 (LMAV.31), estos resultados confirman el elevado nivel informativo de los marcadores seleccionados. El promedio general obtenido fue de 27.44 alelos por *locus* marcador: 26.32 del tipo SSRs y 28.56 promedio del tipo EST-SSRs. Estos resultados son superiores en 14.06 alelos promedio a los reportados en otras investigaciones que han utilizado estos mismos microsatélites (Guzmán *et al.*, 2017; Boza *et al.*, 2018; Sánchez-González *et al.*, 2019).

En estos trabajos se utilizaron genotipos de *Persea* de las tres razas botánicas del aguacate, así como de otros géneros e híbridos de la raza mexicana (Sánchez-González *et al.*, 2019) en contraste, los materiales analizados en este trabajo de investigación son genotipos variantes de la variedad Hass. Es importante señalar que los microsatélites aquí empleados, provienen de *Persea americana* Mill. y que las relaciones genéticas entre las tres razas botánicas del aguacate no están completamente descifradas (Gross-German, 2013). Lo anterior, puede limitar la explicación del mayor número de alelos por *locus* marcador determinado en este trabajo y puede ser que esto se refleje en el contenido de información de polimorfismo.

En relación con el PIC detectado, los resultados indicaron que este fluctuó de 0.257 (LMAV.06) hasta 0.332 (LMAV.14). En general, el PIC promedio fue de 0.286, este valor es considerado bajo comparado con los resultados obtenidos por en distintos trabajos (Abraham y Takrama, 2014; Boza *et al.*, 2018; Sánchez-González *et al.*, 2019) en híbridos de la raza mexicana de 0.72, 0.71 y 0.47, respectivamente, lo cual puede ser explicado debido al alto nivel de parentesco que presentan los individuos analizados; en contraste con los evaluados por los autores citados.

Un PIC mayor a 0.5 reveló la existencia de H_e (Botstein *et al.*, 1980); no obstante, de que el PIC promedio obtenido en el presente trabajo se encuentra por debajo de este índice, estos marcadores han demostrado su utilidad para detectar variabilidad genética (Gross-German, 2013; Guzmán *et al.*, 2017) en especies como el aguacate. Estos resultados son el reflejo del material utilizado con respecto al incluido en otros trabajos en esta especie: se han comparado razas (Guzmán *et al.*, 2017; Boza *et al.*, 2018) o variedades de aguacate (Ferrer-Pereira *et al.*, 2017; Guzmán *et al.*, 2017) y son, por lo tanto, genéticamente más diversas. Los valores de los parámetros genéticos estimados para cada uno de los genotipos se presentan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Parámetros genéticos estimados en siete individuos variantes de aguacate y para la variedad Hass.

Parámetro	EM1HG	EM2HG	EM3HG	EM4H	EM5HG	EM6HG	EM7HG	Hass
Loci polimórficos (95)	1	1	1	1	0.964	1	1	1
Diversidad genética (I)	0.458	0.477	0.416	0.432	0.429	0.391	0.458	0.391
Heterocigosis (He) promedio	1	1	1	1	0.964	1	1	1
# efectivo de alelos (Na)	1.868	1.918	1.756	1.784	1.795	1.707	1.861	1.697

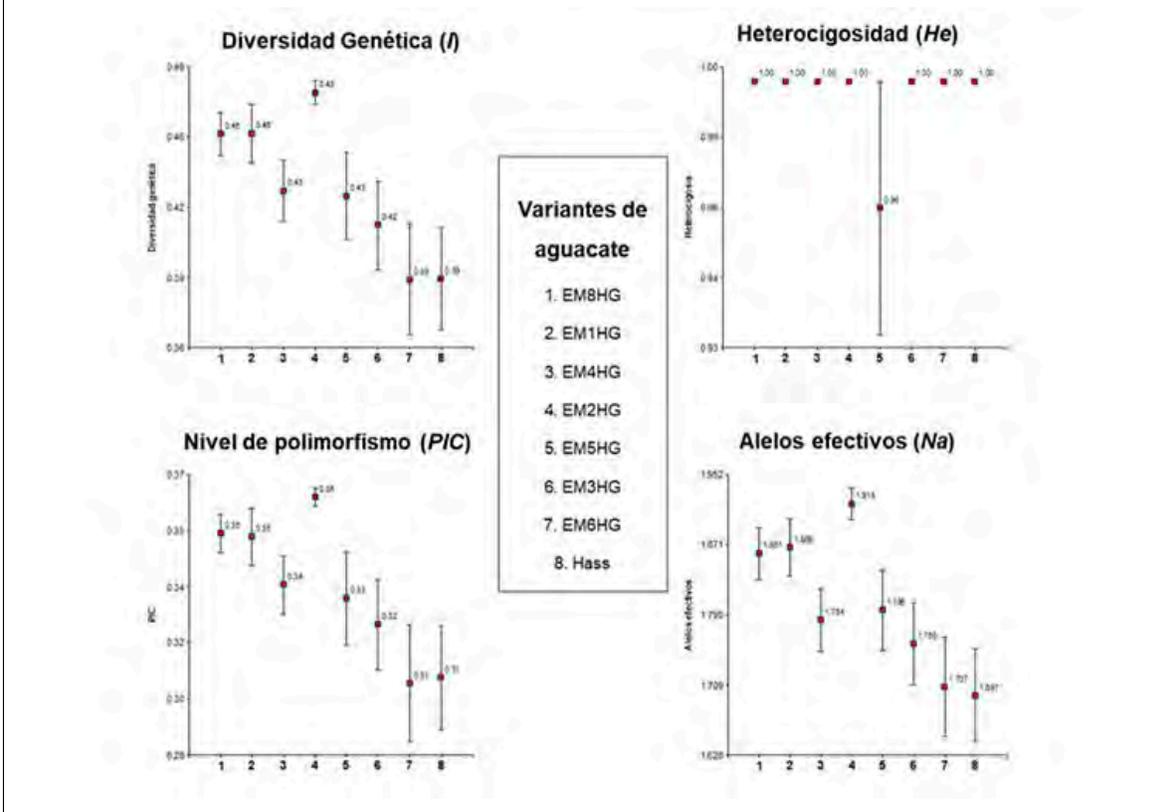
El I varió desde 0.39 (Hass y EM6HG) hasta 0.48 (EM2HG), siendo Hass y EM6HG los genotipos que presentaron los menores valores. La $H_e = 0.99$ estimada, confirma el alto nivel de información de los marcadores utilizados. Los valores superiores obtenidos de H_e con respecto al valor límite 0.5 para todos los *loci* marcadores analizados, favoreció la idea de que estos marcadores pueden ser utilizados para estudios en los que se requiere información sobre genotipos estrechamente relacionados y su diversidad genética que permitió la no conservación de duplicados en bancos de germoplasma, sobre todo en especies perennes en los cuales se requiere grandes superficies y altos costos de mantenimiento.

El poder discriminativo de los marcadores utilizados fue evaluado mediante el cálculo del PIC para cada individuo, el cual fluctuó de 0.31 a 0.36. Los individuos que presentaron el PIC más bajo fueron Hass y EM6HG con un 0.31; lo anterior, es consistente con los valores determinados para el I. Ambos resultados fueron confirmados por medio del Na por locus. Este parámetro varió desde 1.697 hasta 1.918, la variedad Hass presentó el menor Na, esta variedad junto con la variante EM6HG (1.707) son los genotipos que presentaron el menor nivel de variabilidad genética de todo el germoplasma analizado. El genotipo EM2HG fue identificado con el mayor porcentaje de variabilidad con un 0.49% de I, resultado ratificado con un PIC de 0.36 y Na de 1.918.

Este genotipo es peculiar dentro del germoplasma analizado, lo que sugiere que es un material importante dentro de la colección para propósitos de conservación por portar información distinta. En la Figura 1, se presentan los gráficos de I, PIC y Na, se observó cómo se separa este genotipo (EM2HG) del resto de los individuos analizados, principalmente de la variedad Hass.



Figura 1. Promedios (\pm EE), de diversidad genética (I), heterocigosis (H_e), contenido de información polimórfica (PIC) y número de alelos efectivos (N_a) determinados en siete variantes y en la variedad Hass.

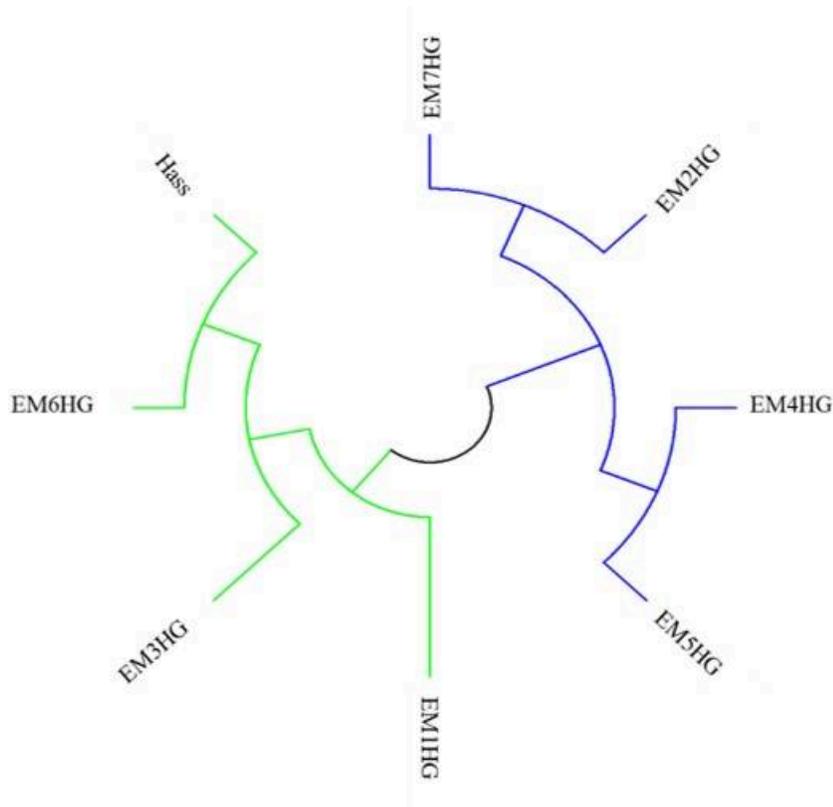


De acuerdo con los resultados obtenidos, todos los marcadores utilizados detectaron altos niveles de polimorfismo, lo que indica su utilidad potencial para la caracterización de genotipos variantes de aguacate que presentan niveles estrechos de parentesco, desde el punto de vista genético. Algunos autores indican la utilización de este tipo de marcadores para la identificación de materiales criollos (Guzmán *et al.*, 2017; Boza *et al.*, 2018) y variedades cultivadas (Ferrer-Pereira *et al.*, 2017). Por otra parte, las distancias genéticas estimadas indican que los materiales con mayor similitud genética fueron Hass y la variante EM6HG (0.43), en contraste con los genotipos EM3HG y EM4HG.

El análisis de similitud genética de los materiales mostró la formación de dos grupos perfectamente definidos (Figura 2). El grupo I, conformado por los genotipos EM7HG, EM2HG, EM4HG y EM5HG con una similitud genética de 93%. El grupo II, fue constituido por los genotipos EM1HG, EM3HG, EM6HG y Hass con un porcentaje de similitud genética de 86%. Dentro de este grupo los genotipos Hass y EM6H fueron los que presentaron la mayor similitud con un 43%.



Figura 2. Dendograma obtenido por el método de Neighbor-joining a partir de datos de 28 marcadores moleculares (SSRs y EST-SSRs) y muestras de ADN genómico de siete genotipos variantes y de la variedad Hass (*Persea americana* Miller).



La condición de agrupamiento de los materiales se debe a la complejidad del estado híbrido (Ashworth y Clegg, 2003) de los genotipos de aguacate, la domesticación del cultivo (Galindo-Tovar *et al.*, 2011), el flujo genético y la dicogamia, lo que refleja una gran diversidad de genotipos cercanamente emparentados. Las bajas distancias genéticas observadas son una respuesta a la cercanía genética de los individuos debido a que son genotipos variantes de la variedad Hass.

Conclusiones

Los marcadores SSRs y EST-SSRs mostraron su viabilidad para discriminar genotipos de aguacate estrechamente relacionados, permitieron estimar parámetros genéticos para la toma de decisiones sobre el material a conservar. La variante EM2HG presentó la mayor similitud genética con la variedad Hass.

Agradecimientos

A la Coordinación de la Investigación Científica de la Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo (CIC-UMSNH) por el financiamiento parcial del proyecto.

Bibliografía

- 1 Abdurakhmonov, I. Y.; Kohel, R. J.; Yu, J. Z.; Pepper, A. E.; Abdullaev, A. A.; Kushanov, F. N.; Salakhutdinov, I. B.; Buriev, Z. T.; Saha, S.; Scheffler, B. E.; Jenkins, J. N. and Abdukarimov, A. 2008. Molecular diversity and association mapping of fiber quality traits in exotic *G. hirsutum* L. germoplasm. *Genomics*. 92(6):478-87.
- 2 Abraham, J. D. and Takrama, J. F. 2014. Genetic characterization of avocado (*Persea americana* Mill.) in two regions of Ghana. *African Journal of Biotechnology*. 13(51):4620-4627. <https://doi.org/10.5897/AJB2014.14023>.
- 3 Al-Samarai, F. R. and Al-Kazaz, A. A. 2015. Molecular markers: an Introduction and applications. *European Journal of Molecular Biotechnology*. 9(3):118-130.
- 4 Ashworth, V. E. T. M. and Clegg, M. T. 2003. Microsatellite markers in avocado (*Persea americana* Mill.): Genealogical relationships among cultivated avocado genotypes. *Journal of Heredity*. 94(5):407-415. <https://doi.org/10.1093/jhered/esg076>.
- 5 Balzaniri, M. G. and Di Rienzo, J. A. 2016. Info Gen: versión 2016. Infostat software estadístico; manual del usuario. Editorial Brujas Argentina. 1^{ra} Ed. Córdoba, Argentina. 335 p.
- 6 Botstein, D.; White, R. L.; Skolnick, M. and Davis, R. W. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphism. *American Journal of Human Genetics*. 32(3):314-331.
- 7 Boza, E. J.; Tondo, C. L.; Ledesma, N.; Campbell, R. J.; Bost, J.; Schnell, R. J. and Gutiérrez, O. A. 2018. Genetic differentiation, races and interracial admixture in avocado (*Persea americana* Mill.), and *Persea* spp. evaluated using SSR markers. *Genetic Resource and Crop Evolution*. 65(2):1195-1215. <https://doi.org/10.1007/s10722-018-0608-7>.
- 8 Cipriani, G.; Marrazzo, M. T.; Di Gaspero, G.; Pfeiffer, A.; Morgante, M. and Testolin, R. 2008. A set of microsatellite markers with long core repeat optimized for grape (*Vitis* spp.) genotyping. *BMC Plant Biology*. 8(127):1-13. <https://doi.org/10.1186/1471-2229-8-127>.
- 9 Dillon, N. I.; Innes, D. J.; Bally, I. S.; Wright, C. L.; Devitt, L. C. and Dietzgen, R. G. 2014. Expressed sequence tag-simple sequence repeat (EST-SSR) marker resources for diversity analysis of mango (*Mangifera indica* L.). *Diversity*. 6(1):72-87.
- 10 Ellis, J. R. and Burke, J. M. 2007. EST-SSRs as a resource for population genetic analyses. *Heredity*. 99(2):125-132.
- 11 Ferrer-Pereira, H.; Pérez-Almeida, I. and Raymúndez-Urrutia, M. 2017. Genetic characterization and diversity among avocado (*Persea americana* Mill.) genotypes from INIA-CENIAP, Venezuela. *Tree Genetics & Genomes*. 13(56):1-13. <https://doi.org/10.1007/s11295-017-1128-x>.
- 12 Galindo-Tovar, M. E.; Milagro-Pérez, P. A.; Alejandro-Rosas, J. A.; Layva-Ovalle, O. R.; Landero-Torres, I.; Lee-Espinosa, H. y Murguía-González, J. 2011. Relaciones genéticas del aguacate (*Persea americana* Mill.) en siete municipios del centro de Veracruz caracterizadas con microsatélites. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*. 13(3):339-346. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=93920942010>.
- 13 Gross-German, E. and Viruel, M. A. 2013. Molecular characterization of avocado germplasm with a new set of SSR and EST-SSR markers: genetic diversity, population structure and identification of race-specific markers in a group of cultivated genotypes. *Tree Genetics & Genomes*. 9(2):539-555. <https://doi.org/10.1007/s11295-012-0568-6>.
- 14 Gutiérrez-Contreras, M.; Lara-Chávez, M. B.; Guillén-Andrade, H. y Chávez-Bárceñas, A. T. 2010. Agroecología de la franja aguacatera en Michoacán, México. *Interciencia*. 35(9):647-653. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=33914212003>.

- 15 Guzmán, L. F.; Machida-Hirano, R.; Borrayo, E.; Cortés-Cruz, M.; Espíndola-Barquera, M. D. and Heredia-García, E. 2017. Genetic structure and selection of a core collection for long term conservation of avocado in México. *Frontiers in Plant Science*. 1(8):1-10. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00243>.
- 16 Huang, Q. X.; Wang, X. C.; Kong, H.; Guo, Y. L. and Guo, A. P. 2013. An efficient DNA isolation method for tropical plants. *African Journal of Biotechnology* . 12(19):2727-2732. <https://doi.org/10.5897/AJB12.524>.
- 17 ITC-Trade Map. 2023. International Trade Center. Lista de los mercados importadores para un producto exportado por México en 2019. Producto: 080440 Aguacates "paltas", frescos o secos. Estadísticas del comercio para el desarrollo internacional de las empresas. <https://www.trademap.org/Country-SelProductCountry.aspx?nvpm=3%7c484%7c%7c%7c%7c080440%7c%7c%7c6%7c1%7c2%7c1%7c2%7c1%7c2%7c2%7c1%7c1%7c1>.
- 18 Jaccard, P.1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. *Bulletin de la Société vaudoise des sciences naturelles*. 44(163):223-270. <https://doi.org/10.5169/seals-268384>.
- 19 Litt, M. and Luty, J. A. 1989. A hypervariable microsatellite revealed by *in vitro* amplification of a dinucleotide repeat within the cardiac muscle actin gene. *American Journal of Human Genetics* . 44(3):397-401.
- 20 Liu, Y.; Ge, Y.; Zhan, R.; Lin, X.; Zang, X.; Li, Y.; Yang, Y. and Ma, W. 2020. Molecular markers and a quality trait evaluation for assessing the genetic diversity of avocado landraces from China. *Agriculture*. 10(4):1=11. <http://doi.org/10.3390/agriculture10040102>.
- 21 Masuelli, R. W. 1999. Uso de marcadores moleculares en el mejoramiento genético de especies hortícolas. *Avances en Horticultura*. 4(1):54-66.
- 22 Pérez-Almeida, I. B.; Torres, E. A.; Angulo-Graterol, L. R. y Acevedo-Barona, M. A. 2011. Diversidad genética entre cultivares de arroz de Venezuela con base a la estimación del coeficiente de parentesco y análisis con marcadores moleculares microsatélites (SSR). *Interciencia* . 36(7):545-551. <https://www.redalyc.org/pdf/339/33919424011.pdf>.
- 23 Robarts, D. W. H. and Wolfe, A. D. 2014. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP) markers: A potential resource for studies in plant molecular biology 1. *Applications in Plant Sciences*. 2(7):1-13. <https://doi.org/10.3732/apps.1400017>.
- 24 Sánchez-González, E. I.; Gutiérrez-Díez, A. and Mayek-Pérez, N. 2019. Outcrossing and genetic variability in Mexican race avocado. *Journal of the American Society Rafor Horticultural Science*. 145(1):53-59. <https://doi.org/10.21273/JASHS04785-19>.
- 25 SIAP. 2023. Sistema de Información Agropecuaria y Pesquera. Avance de siembras y cosechas. Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. Ciudad de México. <http://infosiap.siap.gob.mx:8080/agricola-siap-gobmx/AvanceNacionalSinPrograma.do>
- 26 Sunnucks, P. 2000. Efficient genetic markers for population biology. *Tree*. 15(5):199-203.
- 27 Tamura, K.; Peterson, D.; Peterson, N.; Stecher, G.; Nei, M. and Kumar, S. 2011. MEGA5: Molecular Evolutionary Genetics Analysis using Maximum Likelihood, Evolutionary Distance, and Maximum Parsimony Methods. *Molecular Biology and Evolution*. 28(10):2731-2739.



Análisis genético de variantes de aguacate Hass mediante SSRs y EST-SSRs

Journal Information
Journal ID (publisher-id): remexca
Title: Revista mexicana de ciencias agrícolas
Abbreviated Title: Rev. Mex. Cienc. Agríc
ISSN (print): 2007-0934
Publisher: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Article/Issue Information
Date received: 01 March 2024
Date accepted: 01 June 2024
Publication date: 18 July 2024
Publication date: Jul-Aug 2024
Volume: 15
Issue: 5
Electronic Location Identifier: e3716
DOI: 10.29312/remexca.v15i5.3716

Categories

Subject: Artículo

Palabras clave:

Palabras clave:

Persea americana
diversidad genética

Counts

Figures: 2

Tables: 2

Equations: 0

References: 27

Pages: 0