



Biotecnia

ISSN: 1665-1456

Universidad de Sonora, División de Ciencias Biológicas y de la Salud

Campos-Múzquiz, Lizeth Guadalupe; León-García, Patricia Guadalupe De; Flores-Gallegos, Adriana Carolina; Castillo-Godina, Rocío Guadalupe; Rodríguez-Herrera, Raúl
Caracterización morfológica y determinación de la diversidad genética de aguacate criollo *Persea americana* Mill de Parras, Coahuila
Biotecnia, vol. 25, núm. 3, 2023, Septiembre-Diciembre, pp. 48-54
Universidad de Sonora, División de Ciencias Biológicas y de la Salud

DOI: <https://doi.org/10.18633/biotecnia.v25i3.1919>

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=672977632006>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

UAEH
redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc
Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

Caracterización morfológica y determinación de la diversidad genética de aguacate criollo *Persea americana* Mill de Parras, Coahuila

Morphological characterization and genetic diversity determination of the creole avocado *Persea americana* Mill in Parras, Coahuila

Lizeth Guadalupe Campos-Múzquiz¹, Patricia Guadalupe De León-García¹, Adriana Carolina Flores-Gallegos¹, Rocío Guadalupe Castillo-Godina¹, Raúl Rodríguez-Herrera^{1*}

¹ Facultad de Ciencias Químicas, Universidad Autónoma de Coahuila, Blvd. Venustiano Carranza 935, Colonia República, Saltillo 25280, Coahuila, México.

RESUMEN:

En México existen diferentes genotipos criollos de aguacate con gran valor genético, cultural y nutricional. En Parras, Coahuila el aguacate criollo *Persea americana* Mill es famoso por su sabor y rusticidad. Estos árboles podrían servir como fuente de germoplasma, sin embargo, no existen estudios científicos sobre su morfología y diversidad genética que establezcan su valor genético. En este estudio se muestrearon trece árboles de aguacate criollo. Se evaluaron características morfométricas de frutas y del árbol. Asimismo, se determinó la diversidad genética utilizando como marcadores moleculares, Inter Secuencias Simples Repetidas (ISSR). Los árboles mostraron variaciones en el tamaño, forma del árbol, circunferencia, patrón de ramificación y forma de la hoja. También las frutas presentaron diferencias morfológicas en tamaño, forma y semilla. El análisis de componentes principales indicó una fuerte asociación entre el tamaño de la semilla con la cavidad del fruto. Por otro lado, la población de árboles de aguacates criollos presentó una diversidad genética de 0.27, y el 78 % de los loci analizados presentaron polimorfismos. Además, se analizó la estructura de la población identificando dos subpoblaciones. En conclusión, los árboles de aguacate criollo de Parras, Coahuila son buenos candidatos como fuente de germoplasma debido a su alto valor genético.

Palabras clave: aguacate criollo, variabilidad genética, *Persea*, polimorfismo, marcadores moleculares

ABSTRACT

In Mexico, there are different creole avocado genotypes with great genetic, cultural, and nutritional value. In Parras, Coahuila, the *Persea americana* Mill creole avocado is famous for its flavor and rusticity. These trees could serve as a source of germplasm, however, there are no scientific studies on their morphology and genetic diversity that establish their genetic value. In this study, thirteen creole avocado trees were sampled. Morphometric characteristics of fruits and the trees were evaluated. Likewise, genetic diversity was determined using Inter Simple Sequence Repeats (ISSR) as molecular markers. Trees showed variations in size, tree shape, girth, branching pattern, and leaf shape. Fruits also showed morphological differences in size, shape, and seed. Principal component analysis showed a strong association between

seed size and fruit cavity. On the other hand, the population of creole avocado trees presented a genetic diversity of 0.27 and 78 % of the loci analyzed presented polymorphisms. In addition, the structure of the population was analyzed identifying two subpopulations of trees. In conclusion, creole avocado trees from Parras, Coahuila are good candidates as a source of germplasm due to their high genetic value.

Keywords: creole avocado, genetic variability, *Persea*, polymorphism, molecular marker

INTRODUCCIÓN

México es el principal productor y exportador de aguacate (*P. americana* Mill) en el mundo (Arias *et al.*, 2018). De acuerdo con el Departamento de Agricultura de los Estados Unidos, en el 2021 la producción de aguacate en México alcanzó los 2,555,591 MT, siendo la variedad Hass, la de principal exportación (Osoyo, 2021). Sin embargo, en México existen otras variedades y genotipos, con menor relevancia económica, pero de alto valor cultural, nutricional y genético, siendo este país uno de los de mayor diversidad fenotípica del aguacate (Moreno *et al.*, 2010).

La diversidad fenotípica del aguacate está representada en la variación de caracteres como forma, color, tamaño y sabor de frutos y hojas, así como en su fenología (Acosta Díaz *et al.*, 2013). La diversidad genética presente en las poblaciones de aguacate se debe a que el aguacate produce una semilla sexual por fruta y la dicogamia favorece la polinización cruzada resultado en una progenie muy diversa (Lahav y Lavi, 2009).

En la ciudad de Parras, Coahuila, México, existen diversos árboles de aguacate criollo. Esta diversidad de árboles es mantenida principalmente como planta de traspatio; no obstante, aún existen algunos árboles de vida silvestre. La fruta de esta población se clasifica en aguacate negro (piel negra) y aguacate blanco (piel verde). Esta fruta se consume con todo y piel, tiene alto contenido graso y rara vez es comercializada fuera de esta localidad (Sánchez-Flores *et al.*, 2015).

En años recientes en el noreste de México, los árboles de aguacate criollo han ido desapareciendo debido al incremento en la urbanización, la deforestación y a la introducción de cultivo de variedades uniformes (Gutiérrez-Díez *et al.*, 2015).

*Autor para correspondencia: Raúl Rodríguez Herrera
Corre-e: raul.rodriguez@uadec.edu.mx

Recibido: 14 de diciembre de 2022

Aceptado: 26 de abril de 2023

Publicado: 1 de septiembre de 2023

Además, en Parras, los árboles de aguacate generalmente crecen sin que se les preste atención técnica, por lo que suelen ser afectados por diferentes plagas y enfermedades (Sánchez-Flores *et al.*, 2015).

Los individuos de esta población silvestre presentan variaciones en el tamaño, forma, tipo de semilla y contenido de la pulpa (mesocarpio). Sin embargo, el número de tipos diferentes de árboles criollos es aún un misterio, y no existe información científica acerca de las características morfológicas, ni de su genotipo que permitan clasificarlos, identificarlos y seleccionar los genotipos más sobresalientes. Por lo anterior, el presente trabajo tiene por objetivo caracterizar fenotípicamente diferentes árboles de aguacate criollo de Parras, Coahuila, y determinar su variabilidad genética a través de las Inter Secuencias Simples Repetidas (ISSR) como marcadores moleculares.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal

En la ciudad de Parras, Coahuila, no existe un censo del número de árboles de aguacate, por lo que es difícil de estimar su abundancia, pero creemos que hay al menos tres o cuatro árboles por vivienda. Por tal motivo, la ciudad se dividió en cuatro cuadrantes y se eligieron los 13 árboles más representativos de los diferentes cuadrantes. Estos árboles se identificaron, georreferenciaron, se les tomó las mediciones y se recolectaron frutos y hojas maduras y jóvenes durante los meses de julio a septiembre del 2021 (Tabla 1). Con la relación entre tamaño de muestra y diversidad se comprobó que el tamaño de muestra fue el adecuado (ver Resultados y Discusión).

Caracterización fenotípica de los árboles

Las variables morfológicas que se evaluaron en los árboles de aguacate criollo fueron: edad, extensión, altura, forma, textura de la superficie del tronco, circunferencia del tronco, patrón de ramificación, distribución de las hojas y forma de las hojas. Todas estas medidas se basaron en los descriptores varietales para aguacates recomendados por el Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI) (IPGRI, 1995). La edad de los árboles fue proporcionada por los dueños de los lotes correspondientes. Las variables cuantitativas de las características morfológicas fueron analizadas por medio de componentes principales utilizando el programa InfoGen v.2011.

Caracterización fenotípica de la fruta

Las variables morfológicas evaluadas en los aguacates criollos fueron: forma, longitud, diámetro de la fruta, peso, longitud y diámetro de la semilla, longitud y diámetro de la cavidad de acuerdo con el IPGRI (1995). Se evaluaron cinco frutas de cada árbol. Los datos cuantitativos se analizaron mediante componentes principales y se calculó el coeficiente rho de Spearman para determinar la correlación de las variables. Para esto se utilizó el programa InfoGen v.2011.

Tabla 1. Localización de los árboles de aguacate criollo y variedad a la que pertenecen.

Table 1. Location of creole avocado trees and variety to which they belong.

ID árbol	Latitud	Longitud	Variedad
1	25.431061	-102.169	Negro
2	25.431061	-102.169	Negro
3	25.429882	-102.17	Negro
4	25.432285	-102.187	Blanco
5	25.42752	-102.174	Negro
6	25.424697	-102.17	Negro
7	25.432383	-102.169	Blanco
8	25.440083	-102.196	Negro
9	25.449405	-102.2	Negro
10	25.449405	-102.2	Negro
11	25.449405	-102.2	Negro
12	25.449405	-102.2	Negro
13	25.440238	-102.195	Negro

Extracción de ADN

Se seleccionaron aquellas hojas sin lesiones ni signos de enfermedad y se limpiaron con etanol al 70%. La extracción de ADN se realizó de acuerdo con el protocolo de Dellaporta (1994). En breve, el tejido vegetal se congeló con nitrógeno líquido y se molió utilizando un pistilo y mortero estériles. El polvo resultante se colocó en un microtubo de 2 mL. Se le agregó 600 µL de Solución de Lisis I (200 mM NaCl, 2 % SDS, 1 % polivinilpirrolidona, 25 mM EDTA, 100 mM Tris-HCl pH8, 3 U proteinasa K y 2 % β-mercaptoetanol) se mezcló y se incubó 65 °C por 15 min. Después se agregaron 600 µL de Solución de Lisis II (2 % CTAB, 1.4 M NaCl, 2 % polivinilpirrolidona, 20 mM EDTA, 100 mM Tris-HCl pH8, y 2 % β-mercaptoetanol), se agregaron 600 µL de cloroformo: alcohol isoamílico (CIA) (24:1) y se mezcló por inversión. El tubo se centrifugó a 13,300 g durante 10 min. La fase acuosa se lavó de nuevo con CIA. Se precipitó el ADN utilizando 0.6 volúmenes de isopropanol y 30 µL de acetato de sodio 3 M. El ADN se lavó con etanol al 70% y se suspendió en TE (Tris- HCl 1 mM pH 6.4, EDTA 1 mM pH8). La integridad del ADN se evaluó por medio de electroforesis en un gel de agarosa al 1 % y cuantificado por medio de espectrofotometría a 260/280 nm utilizando el espectrofotómetro de microplacas EPOCH (BioTek). El árbol número 13 no fue analizado genéticamente, solo morfológicamente.

Amplificación de los ISSR

Se probaron siete iniciadores (Escobar-Saucedo *et al.*, 2022) bajo condiciones estándar de la reacción de cadena de la polimerasa (PCR). Para cada reacción, los iniciadores se utilizaron a una concentración final de 2.5 µM, dNTPs a 250 µM, 2 mM MgCl₂, buffer 1x, 2 U de DNA polimerasa y 100 ng de DNA. Las condiciones de termociclador fueron las siguientes: una desnaturalización inicial a 94 °C por 1 min, seguido por diferentes temperaturas de alineación dependiendo del iniciador (Tabla 2) y una extensión a 72 °C por 2 min.

Tabla 2. Iniciadores reportados por Escobar-Saucedo *et al.* (2022) utilizados en este estudio, sus temperaturas de alineación, así como el número de bandas obtenidas.

Table 2. Primers reported by Escobar-Saucedo *et al.* (2022), used in this study, their alignment temperatures, as well as the number of bands obtained.

Iniciador de ISSR	Secuencias (5'-3')	Temperatura de alineación (°C)	No. total de bandas
1	GAGAGAGAGAGAGATC	47.7	10
2	AGAGAGAGAGAGAGTC	49.7	10
3	CTCTCTCTCTCTCTAG	40	10
4	CTCTCTCTCTCTCTCTC	55	10
5	GAGAGAGAGAGAGAT	52	10
6	AGCAGCAGCAGCAGCA	51.9	0
7	TCTCTCTCTCTCTCC	44.1	0

Análisis genético

Los productos de PCR se observaron en geles de agarosa al 1.5 % y cada banda se consideró como un locus, codificando ausencia como 0 y presencia como 1.

El porcentaje de polimorfismos de ISSR, diversidad genética, heterocigosidad esperada (H_e), número efectivo de alelos y la muestra mínima requerida fueron calculados utilizando InfoGen v. 2011 (Balzarini y Di Rienzo, 2003). Para agrupar los diferentes genotipos evaluados, se construyó un dendrograma utilizando la distancia de Sokal Sneath 3 ($\sqrt{1-S}$) ya que con esta se obtuvo la correlación cofenética más alta.

La estructura genética se determinó con un análisis de coordenadas principales con los datos de los patrones de bandeo de ISSR utilizando el software InfoGen v. 2011 (Balzarini y Di Rienzo, 2003). Además, se realizó un análisis de conglomerados bayesiano para inferir la probabilidad de asignación individual a un número variable de conglomerados distintos, utilizando el software STRUCTURE 2.3.4 (Falush *et al.*, 2003, 2007; Hubisz *et al.*, 2009; Pritchard *et al.*, 2000). Se utilizó un enfoque de cadena de Markov Monte Carlo

(MCMC) para estimar el ajuste de datos a los grupos K. Las simulaciones se realizaron utilizando 10.000 repeticiones antes de comenzar a tomar los datos para el análisis, 100,000 iteraciones MCMC, y 10 repeticiones para cada K. Se seleccionó el número más probable de clústeres en función del valor máximo de ΔK siguiendo el método de Evanno utilizando STRUCTURE HARVESTER Web v0.6.94 (Earl y Vonholdt, 2012).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Fenotipificación de los árboles

Se muestrearon un total de 13 árboles diferentes de aguacate criollo de Parras, Coahuila (Tabla 1). Las características morfológicas se presentan en la Tabla 3. El rango de edad varía de 5 a 47 años, siendo el árbol No.10 el más joven y el árbol No. 2 el más viejo. El árbol de mayor extensión es el No. 1 y el árbol de menor extensión es el No. 5. La forma de árbol predominante es de columna. La mayoría de los árboles presentaron textura de corteza lisa. La circunferencia del tronco varía de 41 a 201 cm. La mayoría de los árboles presentaron un patrón de ramificación extenso. La forma predominante de la hoja es ovalada. Todos los árboles presentaron ángulo de ramificación agudo y forma de base de hoja aguda. La mitad de los árboles tienen hojas ovaladas y la otra mitad hojas ovaladas-lanceoladas.

La forma columnar de los árboles, la altura promedio (8.27 m) y la circunferencia del tronco (112.69 m) concuerda con los árboles de aguacate criollo de Colombia evaluados por López-Galé *et al.* (2022). Sin embargo, el patrón de distribución de las ramas difirió con este autor, ya que en este estudio se presentaron patrones más diversos.

La circunferencia máxima del tronco fue menor que la presentada en Norcasia, Colombia, pero la circunferencia mínima del tronco concuerda con los árboles muestreados en los tres sitios de Colombia evaluados por López-Galé *et al.* (2022).

Tabla 3. Características morfológicas de los árboles de aguacate criollo de Parras, Coahuila.

Table 3. Morphological characteristics of creole avocado trees in Parras, Coahuila

ID árbol	Edad (años)	Extensión (m)	Altura (m)	Forma del árbol	Textura de la corteza	Circunferencia del tronco (cm)	Patrón de ramificación	Distribución de ramas	Forma de la hoja
1	20	7 x 5	7.3	Semielíptica	Rugosa	130	Ambas	Ascendente	Oblonga-lanceolada
2	47	5 x 4.5	7.9	Columna	Muy rugosa	190	Extensivo	Axial	Oval
3	27	5 x 4.5	6.1	Semicircular	Rugosa	122	Ambas	Vertical	Oval
4	18	4 x 3.5	8.9	Columna	Muy rugosa	204	Extensivo	Irregular	Oval
5	25	1.5 x 2	9.1	Columna	Lisa	81	Extensivo	Irregular	Oval
6	35	3.5 x 2.5	13.6	Columna	Lisa	190	Extensivo	Axial	Oblonga-lanceolada
7	10	1.5 x 2.5	11.4	Columna	Lisa	71	Extensivo	Axial	Oblonga-lanceolada
8	10	2 x 2	9.5	Columna	Lisa	49	Extensivo	Axial	Oblonga-lanceolada
9	21	4 x 4	9.1	Circular	Rugosa	156	Ambas	Irregular	Lanceolada
10	5	4 x 4	8.3	Piramidal	Lisa	140	Ambas	Irregular	Oval
11	7	2 x 1.5	4.8	Columna	Lisa	48	Extensivo	Vertical	Oval
12	18	2 x 1.5	6.2	Columna	Lisa	41	Extensivo	Axial	Oblonga-lanceolada
13	16	2 x 2.5	5.4	Columna	Lisa	43	Extensivo	Axial	Oblonga-lanceolada

Las frutas de aguacate criollo también fueron evaluadas. Dos árboles presentaron aguacate blanco y once, aguacate negro (Tabla 4). El color de la piel de la fruta no determinó las otras variables. La longitud promedio de la fruta fue de 6.88 ± 1.21 cm, el diámetro promedio de la fruta fue de 4.45 ± 0.64 cm, y el peso promedio del aguacate fue de 75.06 ± 23.66 . La longitud de la fruta coincide con los aguacates procedentes de Guerrero, México, y fueron más pequeños que los colombianos y los de Nuevo León; asimismo, el diámetro de la fruta de Parras fue menor comparada con la de Guerrero y Nuevo León (Acosta Díaz *et al.*, 2018; Damián-Nava *et al.*, 2017; López-Galé *et al.*, 2022). Las semillas fueron más pequeñas que las de los aguacates criollos mencionados por Damián-Nava *et al.* (2017). El peso promedio de la fruta fue menor que el reportado por Acosta Díaz *et al.* (2018) para la región de Nuevo León.

Se realizó un análisis de componentes principales utilizando las variables evaluadas y estandarizadas (Figura 1). Para esto, se utilizó una matriz de correlación para que las variables involucradas tuvieran la misma importancia (Van Hintum *et al.*, 2003). Se encontraron asociaciones positivas fuertes en algunas variables. Por ejemplo, la longitud de la cavidad, la longitud de la semilla y la longitud de la fruta indicando que, aunque las frutas tienen una gran longitud, también poseen semillas grandes, las cuales cubren toda la cavidad. Una situación similar sucede con respecto al diámetro de la fruta, el diámetro de la semilla y el diámetro de la cavidad.

Por otro lado, los árboles de aguacate fueron agrupados de acuerdo con sus características morfológicas cuantitativas a través de un análisis de conglomerados. Éste mostró que los árboles 8 y 9, 13 y 12, y 10 y 3, se encuentran estrechamente relacionados (Figura 2).

Tabla 4. Características morfológicas del aguacate criollo de Parras, Coahuila.
Table 4. Morphological characteristics of the creole avocado fruit in Parras, Coahuila.

ID árbol	Color de la fruta	Longitud fruta (cm)	Diámetro fruta (cm)	Peso (g)	Forma de semilla	Longitud semilla	Diámetro semilla	Longitud de cavidad	Diámetro cavidad
1	Negro	9.7 ± 0.4	4.1 ± 0.2	73.8 ± 8.1	Claviforme	6.0 ± 0.4	2 ± 0.4	7 ± 0.2	2.5 ± 0.2
2	Negro	7 ± 0.6	4.7 ± 0.2	74 ± 9.1	Obovado	4.3 ± 0.3	2.9 ± 0.1	4.5 ± 0.3	3 ± 0.1
3	Negro	6.8 ± 0.6	4.4 ± 0.2	70.4 ± 8.2	Obovado angosto	4.6 ± 0.3	3 ± 0.2	4.6 ± 0.3	3 ± 0.2
4	Negro	6.5 ± 0.5	4.5 ± 0.4	77 ± 13.6	Esferoide alto	3.8 ± 0.1	2.5 ± 0.2	4.2 ± 0.3	3.2 ± 0.4
5	Blanco	7 ± 0.74	4.8 ± 0.3	89 ± 20.2	Elipsoide	4.9 ± 0.5	3.4 ± 0.5	5.1 ± 0.6	3.4 ± 0.6
6	Negro	5.1 ± 0.6	3.8 ± 0.2	50.0 ± 14.5	Elipsoide	3.6 ± 0.5	2.6 ± 0.3	3.7 ± 0.5	2.6 ± 0.3
7	Blanco	7.1 ± 0.6	4.8 ± 0.2	89.6 ± 18.0	Esferoide alto	5.2 ± 0.5	3.4 ± 0.5	5.2 ± 0.5	3.4 ± 0.3
8	Negro	6.1 ± 0.3	4.3 ± 0.3	65.0 ± 6.9	Obovado	4.1 ± 0.2	3 ± 0.2	4.2 ± 0.2	3.1 ± 0.2
9	Negro	7.5 ± 0.8	5.3 ± 0.5	113 ± 24.3	Obovado	4.6 ± 0.6	3.3 ± 0.4	4.8 ± 0.6	3.5 ± 0.3
10	Negro	5 ± 0.6	4.3 ± 0.4	42.8 ± 3.5	Esferoide	3.1 ± 0.3	3.0 ± 0.3	3.1 ± 0.3	3.0 ± 0.3
11	Negro	6.3 ± 1.1	2.9 ± 1.2	35 ± 10.4	Obovado angosto	3.6 ± 0.7	2 ± 0.2	4 ± 0.8	2.1 ± 0.3
12	Negro	7.2 ± 0.3	4.7 ± 0.5	83.8 ± 10.1	Esferoide	3.6 ± 3.4	3.1 ± 0.2	4.5 ± 0.4	3.3 ± 0.2
13	Negro	8.2 ± 0.4	5.4 ± 0.2	112.4 ± 14.8	Esferoide alto	3.7 ± 0.3	2.8 ± 0.2	5.0 ± 0.2	3.3 ± 0.1

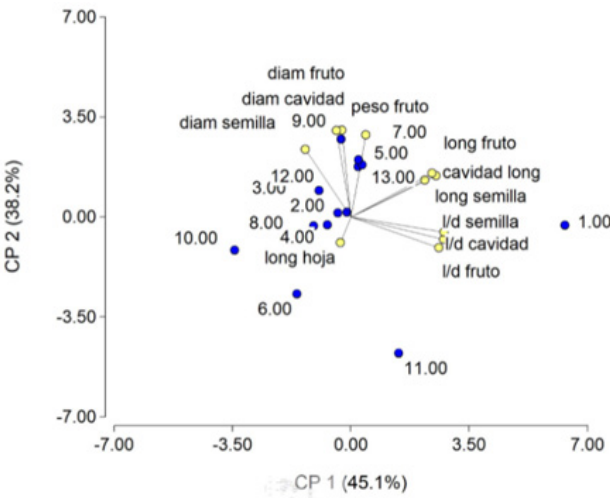


Figura 1. Análisis de componentes principales basado en variables morfológicas cuantitativas de árboles de aguacates criollos (en número de identificación).
Figure 1. Principal components analysis based on quantitative morphological variables of creole avocado trees (by ID number).

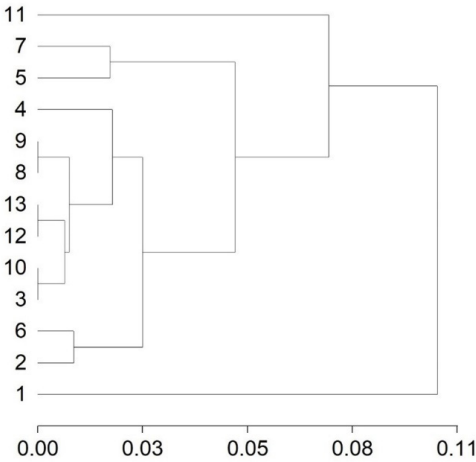


Figura 2. Análisis de conglomerados de los árboles de aguacate criollo (en número de identificación) basado en características morfológicas cuantitativas.
Figure 2. Cluster analysis of criollo avocado trees (in number ID) based on quantitative morphological characteristics.

Variabilidad genética

En este estudio se utilizaron siete iniciadores, pero solo cinco amplificaron con el ADN de los árboles de aguacate criollos muestreados (Tabla 2). Se amplificaron un total de 50 loci, 10 bandas por iniciador. Este número fue similar al obtenido por López-Guzmán y Palomino (2021) en árboles de aguacate criollo de Nayarit, donde amplificaron de 12 a 17 bandas por ISSR. De la misma manera, los resultados son similares a los presentados por Gutiérrez-Díez *et al.* (2015) para los árboles de aguacate criollo en Nuevo León; pero se identificaron menos loci que los reportados por Reyes-Alemán *et al.* (2018) para árboles de aguacate de diferentes partes de México, en los cuales obtuvieron de 20 a 34 loci por ISSR, sin embargo, en este estudio se utilizaron iniciadores degenerados, lo cual aumenta la probabilidad de obtener más amplicones.

El análisis genético mostró que el 78 % de los loci presentaron polimorfismos, con un promedio de alelos de 1.78, un número efectivo de alelos de 1.46 y 87 alelos en total. Este nivel de polimorfismo es similar al presentado en árboles de aguacate criollo de Tecuala, Nayarit, con un polimorfismo de 78.05 % (López-Guzmán y Palomino, 2021). La población de árboles de aguacate criollo de este estudio presentó una diversidad genética de Nei de 0.27, un índice de Shannon de 0.40 y una heterocigosidad esperada (H_e) de 0.29. Estos valores se encuentran dentro de lo esperado para aguacates criollos ya que los árboles de aguacate criollo de Nayarit tienen una H_e promedio de 0.25 utilizando marcadores moleculares ISSR (López-Guzmán y Palomino, 2021). No obstante, la H_e en este estudio es menor que la de árboles de aguacate criollo de Nuevo León, ya que presentaron una H_e de 0.48 (Sánchez-González y Gutiérrez-Díez, 2020).

Para asegurar que el número de árboles muestreados fue el suficiente para determinar la variabilidad genética de la población se determinó el número mínimo de muestra requerida. La Figura 3 muestra que la cantidad de árboles

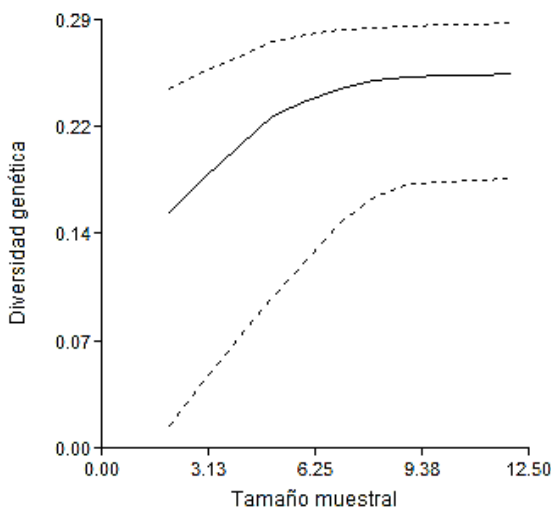


Figura 3. Determinación de la muestra mínima con un re-muestreo de 100 árboles.

Figure 3. Determination of the minimum sample with a re-sampling of 100 trees.

analizados fue suficiente para determinar la diversidad genética de la población, y que un número mayor de árboles muestreados no alteraría el resultado obtenido.

Con los datos de los loci identificados se generó un dendrograma para encontrar semejanzas y diferencias entre los árboles de aguacate. La distancia utilizada fue Sokal Sneath 3, ya que con esta se obtuvo la correlación cofenética más alta (0.866) (Figura 4). Se pueden identificar tres grupos, sin embargo, la distancia entre ellos es mayor al 60 % indicando que los árboles son genéticamente diferentes entre sí (Balzarini *et al.*, 2006). Esto discrepa del agrupamiento generado con las características morfológicas. Lo anterior podría deberse a que las características morfológicas se encuentran codificadas en loci específicos mientras que los ISSR son multilocus, distribuidos a lo largo de todo el genoma. Además, es posible que los ISSR utilizados no estén vinculados a genes codificantes para características morfológicas. Este tipo de discrepancia ya se había observado antes en árboles de aguacate de Tanzania donde los agrupamientos por morfología y genotipo determinados por SSR fueron diferentes (Juma *et al.*, 2021).

Inferencia de la estructura poblacional

Se realizó un análisis de coordenadas principales para mostrar las relaciones definidas por las distancias o similitudes en un espacio de baja dimensión. El análisis del biplot explicó el 52 % de la variabilidad, la coordenada principal 1 explicó el 35.1 % de la variabilidad, mientras que la coordenada 2 explicó el 17.6 % (Figura 5). En general, se pueden observar dos grupos de genotipos. No obstante, estos agrupamientos no son específicos por lo que se realizó un análisis de conglomerados bayesiano para asignar los árboles de aguacate a un conglomerado específico.

La inferencia de distintas subpoblaciones dentro de la población de estudio utilizando el programa STRUCTURE

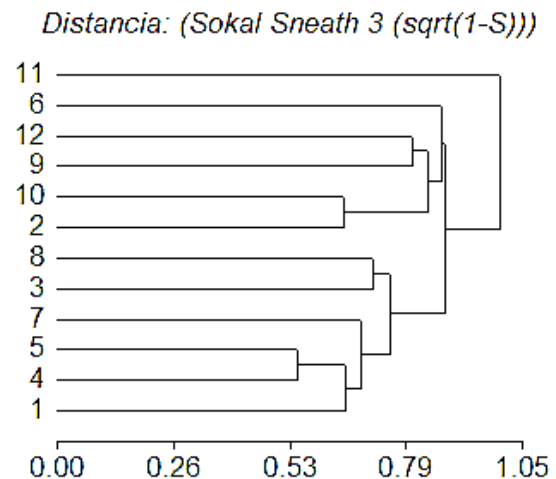


Figura 4. Dendrograma obtenido de la matriz de distancia basado en el índice de similitud Sokal Sneath 3. Transformación: raíz cuadrada del complemento a uno de la semejanza.

Figure 4. Dendrogram obtained from the distance matrix based on Sokal Sneath 3 similarity index. Transformation: square root of the complement to one of the similarity.

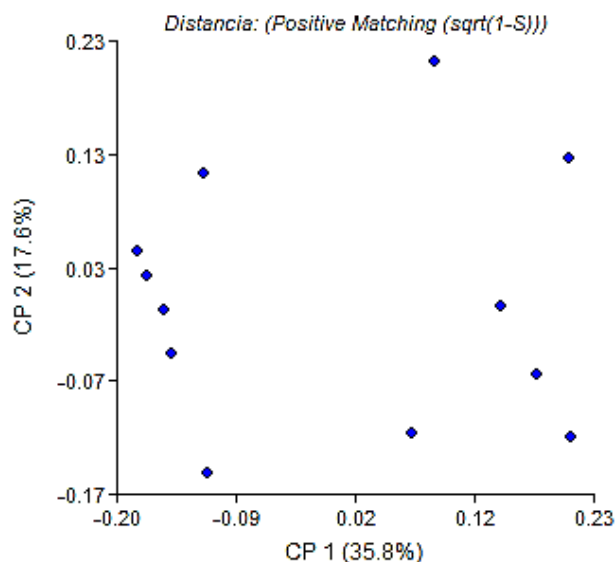


Figura 5. Análisis de coordenadas principales de árboles de aguacates criollos, la clasificación se realizó utilizando los marcadores moleculares ISSR. El algoritmo utilizado fue emparejamiento positivo.

Figure 5. Analysis of principal coordinates of creole avocado trees, the classification was carried out using the ISSR molecular markers. The algorithm used was positive matching.

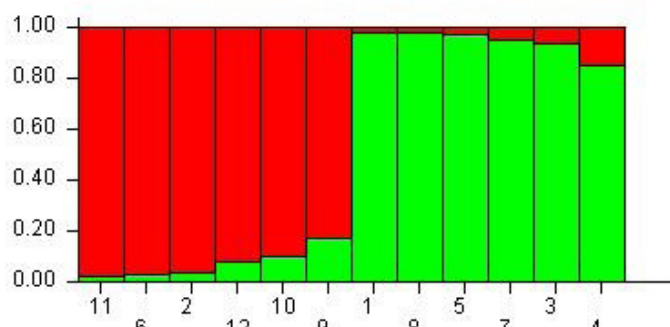


Figura 6. Asignación de los árboles de aguacate criollo de Parras, Coahuila a una población. Cada individuo está representado por una sola línea vertical dividida en conjuntos de colores. La longitud del color en líneas verticales representa la proporción de pertenencia a cada uno de los dos grupos inferidos en cada individuo. Cada número corresponde a la identificación del árbol.

Figure 6. Population assignment of creole avocado trees from Parras, Coahuila. Each individual is represented by a single vertical line divided into sets of colors. The length of the color in vertical lines represents the proportion of belonging to each of the two groups inferred in each individual. Each number corresponds to the identification of the tree.

mostró que la población de árboles de aguacate criollo de Parras, Coahuila, se divide en dos grupos (Figura 6), donde el 80.91% de los árboles fueron asignados a un grupo con 95 % de confianza. Estos resultados indican que a pesar de que los árboles presentan grandes diferencias genéticas (Figura 4), se pueden clasificar en dos grupos diferentes.

CONCLUSIONES

En este estudio se realizó el primer acercamiento a la diversidad morfológica y genotípica de la población de árboles de aguacate criollo de Parras, Coahuila. Se logró caracterizar fenotípicamente la población. En el caso de las características fenotípicas de los árboles, no existe gran diversidad. En cuanto a la fruta, existen fuertes asociaciones entre el tamaño de la fruta, el tamaño de la cavidad y el tamaño de la semilla. No obstante, esto no concuerda con lo encontrado en el análisis genético, en el cual se caracterizó genotípicamente a los árboles, mostrando una alta diversidad genética, y se encontró la presencia de dos subgrupos poblacionales. Esta discrepancia entre el fenotipo y el genotipo podría deberse a que los marcadores moleculares evaluados no están vinculados a genes codificantes para las características morfológicas evaluadas. Sería necesario evaluar más árboles y más loci para establecer una relación entre fenotipo y genotipo. Esta es la primera vez que se analizan morfológica y genéticamente los árboles de aguacate criollo de Parras. Los resultados obtenidos en el presente estudio sugieren que esta población es un buen candidato como fuente de germoplasma para futuros programas de mejoramiento genético de la especie.

AGRADECIMIENTOS

Los autores externan su agradecimiento al "Fondo Destinado a Promover el Desarrollo de la Ciencia y la Tecnología, en el Estado de Coahuila" ("FONCYT"), por el financiamiento otorgado para la realización del proyecto COAH-2021-C15-C042 "Concientización sobre la importancia de los recursos genéticos del aguacate en Parras, Coahuila".

CONFLICTOS DE INTERÉS

Los autores declaran no tener conflictos de interés.

REFERENCIAS

- Acosta Díaz, E., Almeyda León, I. H. y Hernández Torres, I. 2013. Evaluación de aguacates criollos en Nuevo León, México: región norte. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 4: 531-542.
- Acosta Díaz, E., Hernández Torres, I. y Almeyda León, I.H. 2018. Evaluación de aguacates criollos en Nuevo León, México: región sur. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 3: 245-257.
- Arias, F., Montoya, C., y Velásquez, O. 2018. Dinámica del mercado mundial de aguacate. *Revista Virtual Universidad Católica del Norte*. 55: 22-35.
- Balzarini, M. y Di Rienzo, J. 2003. Info-Gen: Software para análisis estadístico de datos genéticos. Facultad de Ciencia Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Argentina.
- Balzarini, M., Arroyo, A., Bruno, C. y Di Rienzo, J. 2006. Análisis de Datos de Marcadores. XXXV Congreso Argentino de Genética, San Luis. Argentina.
- Damián-Nava, A., Palemón-Alberto, F., Moreno-Juárez, J., Hernández-Castro, E., Damián-Díaz, P.E., Vargas-Álvarez, D. y Reyes-García, G. 2017. Characterization of creole avocado fruits harvested from both central and northern regions of Guerrero, Mexico. *International Journal of Advanced Research in Biological Sciences*. 4: 151-159.

- Dellaporta, S. 1994. Plant DNA Miniprep and Microprep: Versions 2.1–2.3 BT - The Maize Handbook. En: Freeling, M., Walbot, V. (ed.), pp. 522–525. Springer New York, New York.
- Earl, D. y Vonholdt, B., 2012. Structure Harvester: a website and program for visualizing STRUCTURE output and implementing the Evanno method. *Conservation Genetics Resources*. 4: 359-361.
- Escobar-Saucedo, M. A., Castillo-Reyes, F., Aguilar, C. N., Vázquez-Ramos, J. A., y Rodríguez-Herrera, R. 2022. Apple mutant trees with low chilling requirements: Proximal, genetic and DNA methylation analyses. *Biocatalysis and Agricultural Biotechnology*. 43: 102413.
- Falush, D., Stephens, M. y Pritchard, J.K., 2003. Inference of population structure using multilocus genotype data: linked loci and correlated allele frequencies. *Genetics*. 164: 1567-1587.
- Falush, D., Stephens, M. y Pritchard, J.K., 2007. Inference of population structure using multilocus genotype data: Dominant markers and null alleles. *Molecular Ecology Notes*. 7: 574–578.
- Gutiérrez-Díez, A., Sánchez-González, E., Torres Castillo, J.A., Cerda Hurtado, I. y Ojeda-Zacarias M. 2015. Genetic Diversity of Mexican Avocado in Nuevo Leon, Mexico. En: *Molecular Approaches to Genetic Diversity*. M. Caliskan, G. C. Oz, H. Kavakli y B. Ozcan (ed.), pp 141-159. InTech, Croacia.
- Hubisz, M.J., Falush, D., Stephens, M., Pritchard y J.K. 2009. Inferring weak population structure with the assistance of sample group information. *Molecular Ecology Resources*. 9: 1322-1332.
- IPGRI. 1995. Descriptores para aguacate (*Persea spp.*). Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, Roma.
- Juma, I., Geleta, M., Hovmalm, H. P., Nyomora, A., Saripella, G. V., Carlsson, A. S., Fatih, M. y Ortiz, R. 2021. Comparison of morphological and genetic characteristics of avocados grown in Tanzania. *Genes*. 12: 1-21.
- Lahav, E., Lavi, U. 2009. Avocado Genetics and Breeding. En: *Breeding Plantation Tree Crops: Tropical Species*. A. Mohan y P.M. Priyadarshan (ed.) pp. 247-285. Springer New York, New York.
- López-Galé, Y., Murcia-Riaño, N., Romero-Barrera, Y. y Martínez, M.F. 2022. Morphological characterization of seed-donor Creole avocado trees from three areas in Colombia. *Revista Chapingo Serie Horticultura*. 28: 93-108.
- López-Guzmán, G. G. y Palomino, Y. A. 2021. Diversidad genética del aguacate criollo en Nayarit, México determinada por ISSR. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*. 22: 1-14.
- Moreno, S., Rocha, A., Alvarado, M., Salgado, M. y Pinson, E. 2010. Aguacate: variedades, cultivo y producción en Nuevo León. Universidad Autónoma de Nuevo León. Nuevo León, México.
- Osoyo, A., 2021. Report Name: Avocado Annual. Rept. MX2021-0060. United States Department of Agriculture. Ciudad de México.
- Pritchard, J.K., Stephens, M. y Donnelly, P. 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics*. 155: 945-959.
- Reyes-Alemán, J.C., Serrano-Hernández, M., Mejía-Carranza, J., Vázquez-García, L.M., Urbina-Sánchez, E., Valadez-Moctezuma, E. Barrientos-Priego, A. y Espíndola-Barquera, M. de la C., 2018. A genetic diversity study of *Persea*. *Acta Horticulturae*. 1203: 147-154.
- Sánchez-Flores, Ó.Á., García-Martínez, O., Myartseva, S.N., Ruiz-Cancino, E. y Carapia-Ruiz, V. 2015. Parasitismo natural de Aphelinidae (Hymenoptera) sobre *Aleuropleurocelus* aff. *acaudatus* Drews & Sampson (Aleyrodidae), en aguacates criollos del sur de Coahuila, México. *Acta Zoológica Mexicana*. 31: 173-177.
- Sánchez-González, E. y Gutiérrez-Díez, A., 2020. Outcrossing Rate and Genetic Variability in Mexican Race Avocado. *Journal of the American Society for Horticultural Science*. 145: 53-59.
- Van Hintum, T.J.L., Brown, A.H.D., Spillane, C. y Hodgkin, T., 2003. Colecciones núcleo de recursos fitogenéticos. IPGRI Boletín Técnico. Roma.