

DISTINCIÓN DE ESPECIES DEL GÉNERO *Persea* MEDIANTE POLIMORFISMOS DE ADN

Parte I

J.C. Reyes-Alemán¹, E. Valadez-Moctezuma², A. Barrientos-Priego³ y L. Simuta-Velazco⁴

¹ Fundación Salvador Sánchez Colín CICTAMEX S.C. Ignacio Zaragoza No. 6 Coatepec Harinas, México CP 51700. , e-mail reyesaleman@hotmail.com, cictamex@prodigy.net.mx

² Laboratorio de Biología Molecular, Departamento de Fitotecnia de la Universidad Autónoma Chapingo, Km. 38.5 Carretera México -Texcoco, Texcoco Edo. De México C.P. 56230 e-mail nestty56@yahoo.com.mx

³ Posgrado de Horticultura, Departamento de Fitotecnia de la Universidad Autónoma Chapingo Km. 38.5 Carretera México -Texcoco, Texcoco Edo. de México C.P. 56230 e-mail abarrien@gmail.com

⁴ Facultad de Agrobiología "Presidente Juárez" Universidad Michoacana de San Nicolás de Hidalgo. Uruapan, Michoacán, México,

El aguacate pertenece a la especie *Persea americana* y dentro de ésta se reconocen tres razas: *P. americana* var. *drymifolia*, *P. americana* var. *guatemalensis* y *P. americana* var. *americana*. Estas razas tienen diferente origen, morfología y perfiles isoenzimáticos. Con otros marcadores bioquímicos y de ADN, se han establecido relaciones de parentesco y diferenciación entre *Persea americana* con otras especies. Para conocer la diversidad de lo colectado, se requiere conocer primero la relación genética entre las accesiones y al considerar que actualmente la reclasificación de las especies de *Persea* subgénero *Persea* está en boga, las técnicas moleculares de análisis de ADN puede ofrecer la distinción inter e intraespecífica de *Persea*. Por lo que se planteó el objetivo de conocer la afinidad genética de *Persea* analizando 9 especies: *P. americana*, *P. steyermarkii*, *P. schiedeana*, *P. lingue*, *P. nubigena*, *Persea gigantea*, *P. floccosa*, *P. cinerascens* y *P. indica*, utilizando las técnicas de RAPDs e ISSR. Los productos de PCR fueron separados en geles de acrilamida y teñidos con sales de plata. Para conocer su relación genómica. Las huellas de ADN se analizaron con métodos estadísticos multivariados. Los análisis estadísticos de las huellas de ADN agruparon de forma congruente en un dendrograma a las accesiones de acuerdo a sus características propias de las especies. El estudio reveló poca relación genómica de *P. indica* y *P. lingue* con el resto de las especies; el análisis separó genotipos de *P. americana* y un híbrido interespecífico, así como las especies que se supone dieron origen a la raza Guatemalteca.