



"ENSEÑAR LA EXPLOTACIÓN DE
LA TIERRA, NO LA DEL HOMBRE"

Análisis filogenético de los subgéneros *Persea* y *Eriodaphne* (*Persea*, Lauraceae) usando secuencias de ADN nuclear, mitocondrial y de cloroplasto



María Edith Cruz-Maya
Alejandro F. Barrientos-Priego
José Luis Rodríguez-de la O
Juan Carlos Reyes-Alemán



Posgrado en Biotecnología Agrícola
Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo

Fundación Salvador Sánchez Colín-CICTAMEX, S.C.

Red de Aguacate del Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos (SINAREFI)



INTRODUCCIÓN



Clasificación del género
Persea: subgénero
Persea y *Eriodaphne*.

-Diversidad y variabilidad
en Persea.





Características de clasificación taxonómica entre los dos subgéneros de *Persea*

La principal característica es la falta de pubescencia de la parte interna de pétalos y sépalos de la flor, así como del pistilo.

van der Werff (2002) sólo consideró que en el subgénero *Persea* existen dos especies: *Persea schiedeana* y *Persea americana*.

Estudios filogenéticos en *Persea*

Campos-Rojas *et al.* (2007) sugirieron que los subgéneros *Persea* y *Eriodaphne* deberían considerarse como géneros separados.

Cabrera-Hernández *et al.* (2008) analizando la región *trnL-F* del cloroplasto consideró la posibilidad de separación del género *Persea*.

Rohwer *et al.* (2009) con secuencias de la región ITS del núcleo también sugirió la separación del género *Persea* en dos.





OBJETIVOS

- Reconstruir las relaciones filogenéticas que existen entre el subgénero *Persea* y *Eriodaphne* por medio de secuencias de ADN.
- Identificar el posible ancestro del aguacate.
- Seleccionar marcadores moleculares útiles para la identificación de especies del subgénero *Persea*.





MATERIALES

El análisis filogenético se realizó con 33 materiales (5 especies del subg. *Eriodaphne*, 28 individuos del subg. *Persea*: 8 especies, y *Beilschmiedia anay* como especie de contraste). Se utilizó secuencias de genes de cloroplasto *ndhF*, *rbcL*, *matK*, *rpoC* y el espacio intergénico *trnH-psbA*; el gen nuclear *18s* y los genes de mitocondria *atp4* y *cox3*.





Material Vegetal

Extracción de ADN

Purificación y cuantificación

Amplificación de Genes

Secuenciación

Revisión visual de alineamientos

Alineamientos

Análisis filogenético

Máxima Parsimonia

Dendrogramas

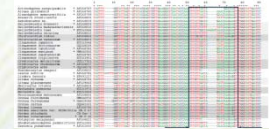
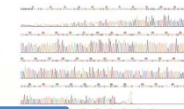
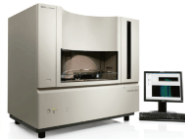
Descripción de la variación

Hipótesis

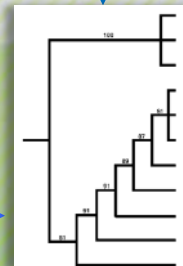
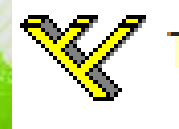
Interpretación de los resultados



Muscle



1000 "bootstrap"





ANÁLISIS

- Para el gen *matK* se consideraron secuencias de otros 19 géneros afines de la familia Lauraceae provenientes del Genebank.
- Se analizó las secuencias concatenadas de genes de cloroplasto.
- Se analizó también las secuencias juntas de todos los genes.



Sequences Characteristics

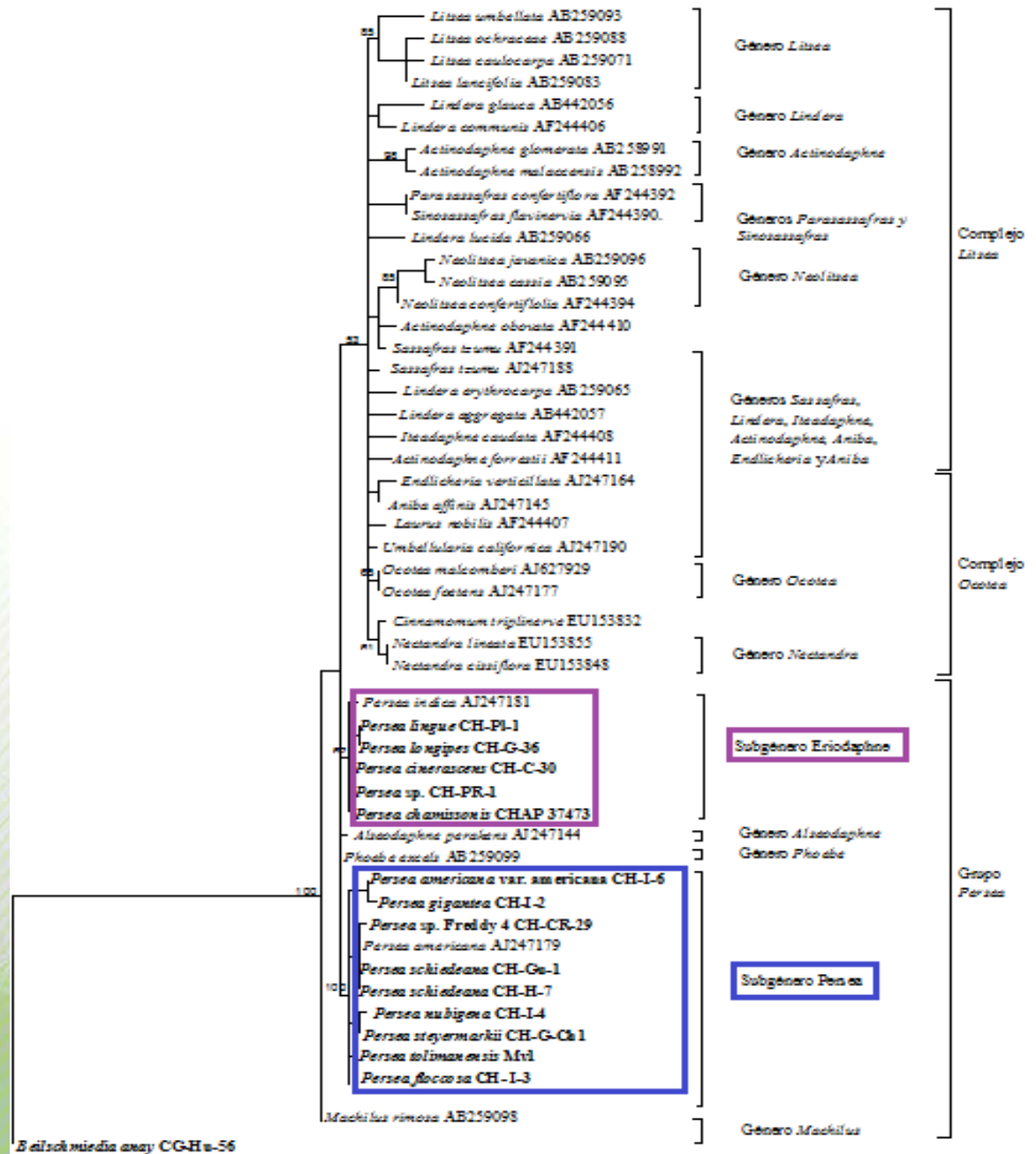
Locus/segmento	Longitud de alineamientos (bp)	RC	RNC	Pi	Pi (%)	SC	SC (%)	SV	SV (%)	S	MFE
<i>n 18s</i>	1748	0	1748	6	0.34	1719	98.34	29	1.69	23	2
<i>cp rpoC1</i>	599	599	0	2	0.33	577	96.33	22	3.67	20	2*
<i>cp trnH-psbA</i>	497	98	399	32	6.44	428	86.12	67	13.48	41	5*
<i>cp rbcL</i>	1481	1428	53	10	0.67	1390	93.86	91	6.14	81	4
<i>cp ndhF</i>	739	739	0	4	0.54	707	95.67	32	4.33	28	0
<i>cp matK</i>	909	909	0	7	0.77	866	95.27	43	4.73	36	1
<i>mt atp4</i>	507	507	0	1	0.20	501	99.82	6	1.18	5	0
<i>mt cox3</i>	695	695	0	0	0	692	99.57	3	0.43	3	0
<i>matK-rbcL-ndhF-rpoC1-trnH-psbA</i>	4236	3773	463	55	1.30	3965	93.60	261	6.16	206	12**
<i>cox3-atp4</i>	1199	1199	0	1	0.08	1190	99.23	9	0.75	8	0
<i>18s-cox3-atp4-matK-rbcL-ndhF-rpoC1-trnH-psbA</i>	7183	4983	2200	62	0.86	6874	95.69	299	4.16	237	14**

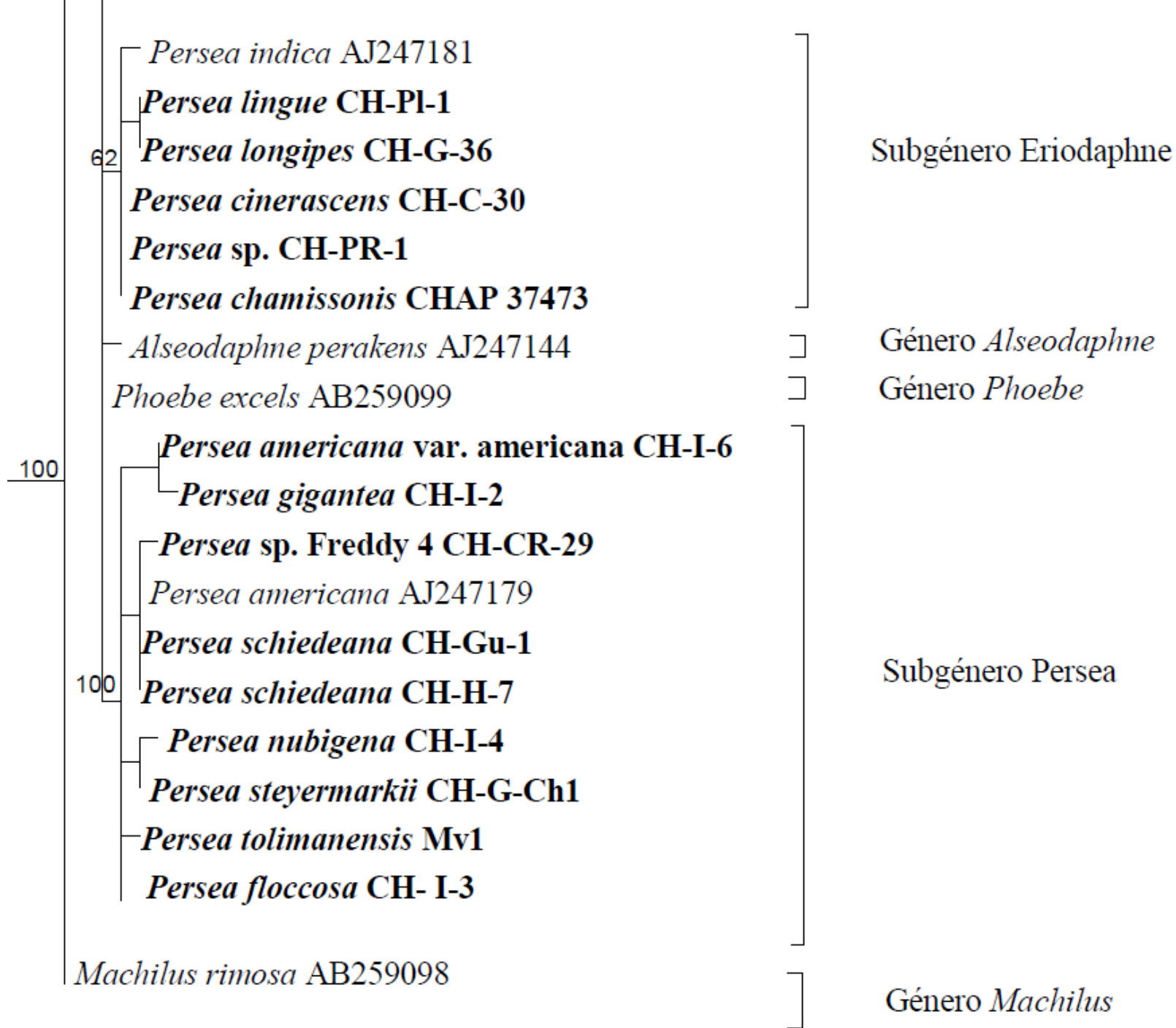
Pi: Sitios informativos parsimoniosos, RC: Región codificante, RNC: Región no codificante, SC: Sitios coservados, S: Sitios "Singlenton", SV: Sitios variables, MFE: Mutaciones fijas exclusivas del subgénero *Eriodaphne*, * Una de las mutaciones está presente en *Beilschmiedia anay*. ** Dos de las mutaciones está presente en *Beilschmiedia anay*.



Gene *matK*

Árbol filogenético número 13 del gen *matK*, construido por el método de máxima parsimonia. El árbol incluye 19 géneros de la familia Lauraceae.

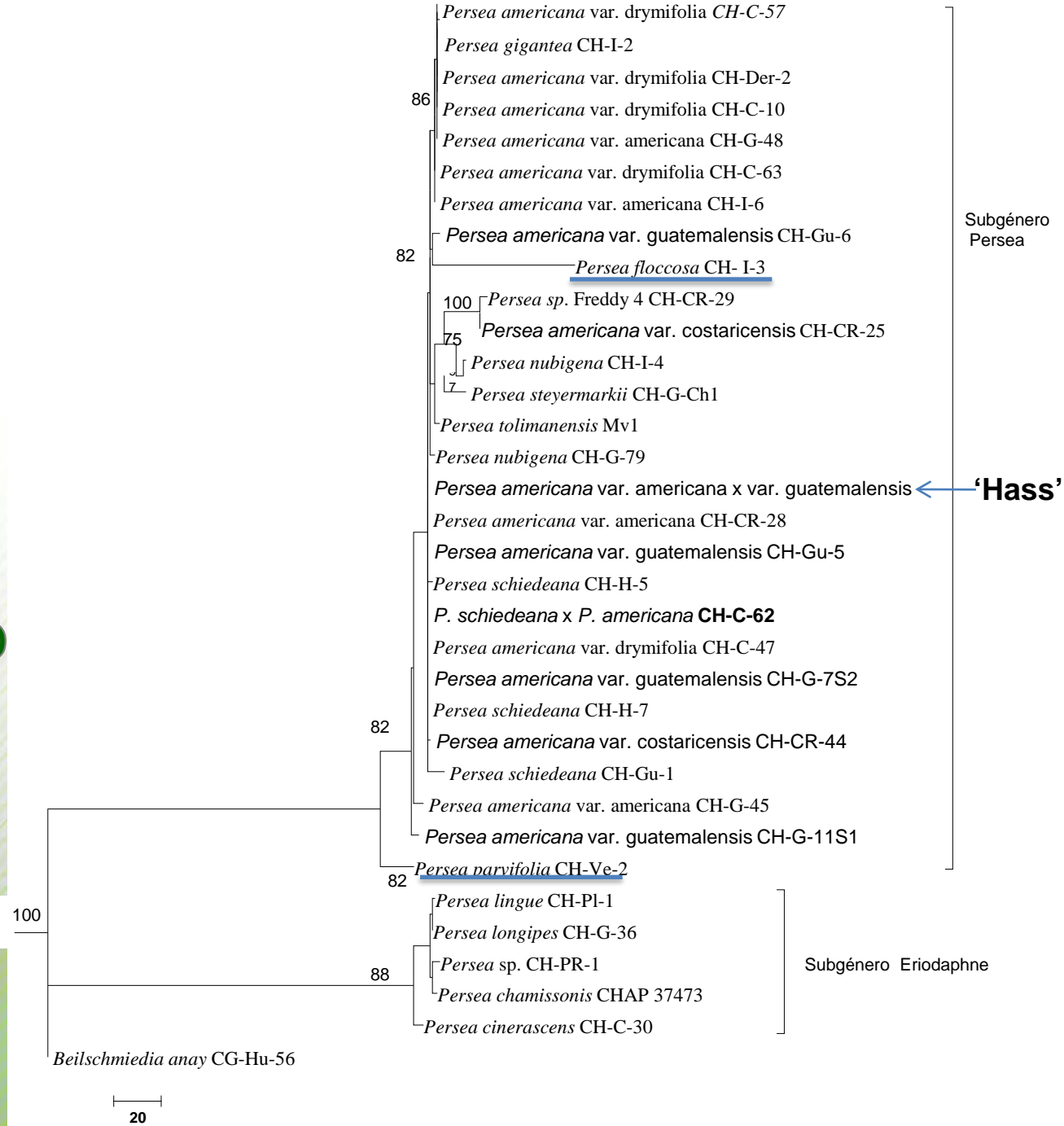






Genes concatenados del cloroplasto

Árbol filogenético número 18 de los 5 fragmentos concatenados del cloroplasto, construido por el método de máxima parsimonia.





Persea americana var. *guatemalensis* CH-Gu-6

Persea schiedeana CH-H-5

68

Persea schiedeana CH-Gu-1

84

Persea schiedeana CH-H-7

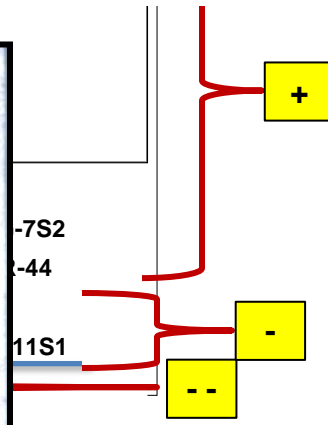
Persea steyermarkii CH-G-CH

++

género
ea

concat
de cp,

Árbol filogenético
número 157 de los
fragmentos
concatenados.



-7S2
-44
11S1

Subgénero
Eriodaphne





**¡Gracias por su
atención!**

**Investigación financiada por la
Red de Aguacate del Sistema
Nacional de Recursos
Fitogenéticos**



SINAREFI

Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos
para la Alimentación y la Agricultura

