

MOLECULAR DIVERSITY AND GENETIC RELATIONSHIPS OF MANGO GERMPLASM FROM CHIAPAS, MÉXICO

DIVERSIDAD MOLECULAR Y RELACIONES GENÉTICAS DE GERMOPLASMA DE MANGO DE CHIAPAS, MÉXICO

Didiana Gálvez-López¹, Miguel Salvador-Figueroa², Enrique N. Becerra-Leor³, Maurilio González-Paz¹, Sanjuana Hernández-Delgado¹, Netzahualcoyotl Mayek-Pérez^{1*}

¹Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. Bulevard Del Maestro s/n esquina Elías Piña, Colonia Narciso Mendoza, 88710. Reynosa, México. ²Área de Biotecnología, Universidad Autónoma de Chiapas. Carretera a Puerto Madero km 2. 30700, Tapachula, México. ³Campo Experimental Cotaxtla-INIFAP. Carretera Veracruz-Córdoba km 34, A. Postal 429. 91700. Veracruz, México. (nmayek@ipn.mx)

ABSTRACT

Most of mango (*Mangifera indica* L.) production in Chiapas, México is located at Soconusco region where a large morphological and genetic diversity have been detected due the free-pollination among plants. The characterization and identification of outstanding plants can be useful for mango diversity conservation as well as the use for mango breeding. Forty-one local mango accessions collected in five locations (Huehuetán, Pijijiapan, Tuxtla Chico, Tapachula, Escuintla) in the state of Chiapas, México, were subjected to AFLP analysis and then compared with 19 mango cultivars. AFLP analysis indicated high levels of polymorphisms among accessions (> 84 %). AMOVA analysis indicated significant genetic differentiation ($F_{ST} = 0.23743$) among and within mango accessions. Cluster analysis showed two groups: accessions from Chiapas and Ataulfo mangos closely related to Manila, Carabao, Amini and Cambodiana cultivars native from Asia; and Mexican and non-Mexican bred mangos from Germplasm Bank. *Mangifera odorata* was different than all other *M. indica* accessions. The highest heterozygosity were found in mangos from Tuxtla Chico (0.260) and Escuintla (0.254). Genetic differences among accessions and cultivars were associated with their geographical origin and indicated new genetic diversity of mangos from Chiapas due to free-pollination and the use of recombinant plants.

Keywords: *Mangifera indica* L., *M. odorata*, AFLPs, genetic relationships, Soconusco.

RESUMEN

La mayor parte de la producción de mango (*Mangifera indica* L.) en Chiapas, México, se localiza en la región Soconusco, donde se ha detectado una gran diversidad morfológica y genética, que se debe a la polinización libre entre plantas. La caracterización e identificación de plantas excepcionales puede ser útil para la conservación de la diversidad del mango, así como para su uso en el cultivo del mango. Se recolectaron 41 accesiones de mango en cinco localidades (Huehuetán, Pijijiapan, Tuxtla Chico, Tapachula, Escuintla) en el estado de Chiapas, México, que se sometieron a análisis AFLP y después se compararon con 19 variedades cultivadas de mango. El análisis AFLP indicó altos niveles de polimorfismo entre las accesiones (> 84 %). El análisis AMOVA indicó una diferenciación genética significativa ($F_{ST} = 0.23743$) entre y dentro las accesiones de mango. El análisis de agrupamiento arrojó dos grupos: las accesiones de Chiapas y los mangos Ataulfo se relacionan cercanamente a los cultivares Manila, Carabao, Amini y Cambodiana, nativas de Asia; y los mangos mexicanos y no mexicanos cultivados a partir del Banco de Germoplasma. *Mangifera odorata* fue distinta a todas las otras muestras de *M. indica*. La heterocigosidad más alta se encontró en mangos de Tuxtla Chico (0.260) y Escuintla (0.254). Las diferencias genéticas entre accesiones y cultivares se asociaron con su origen geográfico e indicaron nueva diversidad genética de los mangos de Chiapas debido a la polinización libre y el uso de plantas recombinantes.

Palabras clave: *Mangifera indica* L., *M. odorata*, AFLP, relaciones genéticas, Soconusco.

* Author for correspondence ♦ Autor responsable.

Received: October, 2009. Approved: October, 2010.

Published as ARTICLE in *Agrociencia* 44: 907-915. 2010.

INTRODUCTION

Mango (*Mangifera indica* L.) is a major crop for the state of Chiapas, México, where 26,000 ha were planted and 176 000 t produced during 2008. Most of the mango production (≈ 95 %) is located at a southern region (Soconusco) which comprises 17 municipalities, and where Tapachula produces nearly one third of the state's mango production (SIAP, 2010).

A broad morphological and genetic diversity of mango has emerged at southern Chiapas due to free sexual recombination, continuous grafting of outstanding plants produced by seeds from commercial cultivars (cv.) cultivated or consumed in the state, or both. For example, the cv. Ataulfo (Manila fruit type) originated in Soconusco region was dispersed throughout México and worldwide (Gálvez-López *et al.*, 2007a, Gálvez-López *et al.* 2007b). This genetic diversity need to be analyzed in order to increase our knowledge about Mexican plant genetic resources and then used to design strategies for conservation and use of germplasm for breeding and production purposes.

Several procedures for the identification and characterization of mango genotypes have been developed based on morphological, biochemical, agronomical or genetic traits (Krishna *et al.*, 2007; Gálvez-López *et al.*, 2009). Mango cultivars and species from México and other countries have been characterized based on morphological traits and isozyme patterns (Gálvez-López *et al.*, 2007b; 2010). In addition, germplasm have been analyzed by using RAPD (Karihaloo *et al.*, 2003; Anju *et al.*, 2008; Rajwana *et al.*, 2008), AFLP (Kashkush *et al.*, 2001; Yamanaka *et al.*, 2006; Gálvez-López *et al.*, 2009), SSR (Schnell *et al.*, 2005; Viruel *et al.*, 2005; Hirano *et al.*, 2010); and ISSR (Pandit *et al.*, 2007; Anju *et al.*, 2008). Overall results indicate clearly the differentiation of mango accessions regardless the marker system use to fingerprint based on type of embryony (mono- or poly-embryonic), geographical origin or genetic status (cultivars, landraces, species). The aim of this study was to characterize mango landraces present in southern Chiapas, México, by means of AFLP in the end to determine the genetic relationships among native and bred mango genotypes from México and other countries.

INTRODUCCIÓN

El mango (*Mangifera indica* L.) es un cultivo importante para el estado de Chiapas, México, donde en 2008 se plantaron 26 000 ha y se produjeron 176 000 t. La mayor parte de la producción de mango (≈ 95 %) se localiza en la región sur (Soconusco), que abarca 17 municipios y donde Tapachula produce casi un tercio de la producción de mango del estado (SIAP, 2010).

En el sur de Chiapas ha emergido una amplia diversidad morfológica y genética de mango gracias a la recombinación sexual libre, al uso continuo de injertos de plantas excepcionales producidas por semillas a partir de cultivares (cv.) comerciales cultivados o que se consumen en el estado, o a ambos. Por ejemplo, el cv. Ataulfo (con fruto tipo Manila) se originó en la región del Soconusco y se distribuyó por México y el mundo (Gálvez-López *et al.*, 2007a; Gálvez-López *et al.*, 2007b). Esta diversidad genética se debe analizar para aumentar el conocimiento sobre los recursos genéticos vegetales mexicanos, y después usarse para diseñar estrategias de conservación y uso de germoplasma con fines de cultivo y producción.

Varios procedimientos para la identificación y caracterización de los genotipos de mango se han desarrollado con base en caracteres morfológicos, bioquímicos, agronómicos o genéticos (Krishna *et al.*, 2007; Gálvez-López *et al.*, 2009). Los cv. cultivados de mango y especies mexicanas y de otros países han sido caracterizados con base en caracteres morfológicos y patrones de isozimas (Gálvez-López *et al.*, 2007b; 2010). Además, el germoplasma se analizó utilizando RAPD (Karihaloo *et al.*, 2003; Anju *et al.*, 2008; Rajwana *et al.*, 2008), AFLP (Kashkush *et al.*, 2001; Yamanaka *et al.*, 2006; Gálvez-López *et al.*, 2009), SSR (Schnell *et al.*, 2005; Viruel *et al.*, 2005; Hirano *et al.*, 2010), e ISSR (Pandit *et al.*, 2007; Anju *et al.*, 2008). Los resultados indican claramente la diferenciación de las accesiones de mango sin importar el sistema de marcador utilizado para tomar la huella, con base en el tipo de embrionía (mono o poli embriónico), origen geográfico o estatus genético (cultivares, razas nativas, especies). El objetivo de este estudio fue caracterizar las razas nativas presentes en el sur de Chiapas, México, utilizando AFLP al final para determinar las relaciones genéticas entre genotipos nativos y cultivados de México y otros países.

MATERIALS AND METHODS

Germplasm

Forty-one mango accessions from the Soconusco region in southern Chiapas, Mexico were collected during 2005 (Table 1) by Drs. Ma. Lourdes Adriano-Anaya and Miguel Salvador-Figueroa (Universidad Autónoma de Chiapas, Tapachula, México). We did not know if the accessions were originated by direct planting of one seed of mango cultivar grown at Chiapas or originated from grafting of outstanding local mangos as well as cultivars planted throughout the Soconusco region. One *M. odorata* accession as well as six introduced mango cultivars from Florida, USA, six cultivars from other countries and six mango cultivars from other regions of México were included as out-groups (Table 1). Out-groups are included in the Mango Germplasm Bank of the Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) located in Cotaxtla, Veracruz, México.

Genetic analysis

Genetic analysis consisted of DNA genomic isolation (Doyle and Doyle, 1987) and AFLP analysis using the protocol described by Vos *et al.* (1995). After the evaluation of amplified products and polymorphisms generated by eight AFLP primer combinations in five randomly selected accessions, four combinations of selective oligonucleotides EcoRI / MseI were selected: AGG/AAA, AGG/AGG, AGG/ATG, AGG/AAG. Amplified products were separated by electrophoresis in 6.5 % acrylamide gels and visualized in real-time using an automated sequencer model (LICOR®; Lincoln, NE, USA) (Gálvez-López *et al.*, 2009).

Statistical analysis

AFLP bands were numbered based on their migration in gels. The band with the highest molecular weight was numbered 1, and subsequent bands were numbered in order of decreasing weight. We assumed that two bands with the same migration in different sample gels were identical (Gálvez-López *et al.*, 2009). A zero-ones matrix was used to estimate simple matching coefficients (Nei and Li, 1979). Coefficients were used to estimate genetic similarities between genotypes, and a single dendrogram was then constructed based on the Neighbor-Joining (NJ) method (Felsenstein, 2004), using the software programs Phylip, NJ-Plot and TreeView 1.6.6 (Perrière and Gouy, 1996; Felsenstein, 2005). Genetic diversity within populations was measured using average heterozygosity (H) and percentages of polymorphic loci (P),

MATERIALES Y MÉTODOS

Germoplasma

Los doctores Ma. Lourdes Adriano-Anaya y Miguel Salvador-Figueroa (Universidad Autónoma de Chiapas, Tapachula, México) recolectaron 41 accesiones de mango de la región de Soconusco en el sur de Chiapas, México, durante 2005 (Cuadro 1). No se sabía si las 41 accesiones se originaron por plantación directa de una semilla de alguna cv. cultivado en Chiapas o si se originaron por injertos de mangos locales excepcionales y variedades cultivadas plantadas en la región de Soconusco. Se incluyeron como grupos externos una accesión de *M. odorata* y seis variedades cultivadas introducidas, de Florida, EE.UU., seis cv. de otros países, y seis variedades cultivadas de mango de otras regiones de México (Cuadro 1). Los grupos control están presentes en el Banco de Germoplasma de Mango del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), ubicado en Cotaxtla, Veracruz, México.

Análisis genético

El análisis genético consistió del aislamiento de ADN genómico (Doyle y Doyle, 1987) y análisis AFLP usando el protocolo descrito por Vos *et al.* (1995). Después de la evaluación de productos amplificados y polimorfismos generados por ocho combinaciones de iniciados AFLP en cinco accesiones seleccionadas aleatoriamente, se seleccionaron cuatro combinaciones de oligonucleótidos selectivos EcoRI/MseI: AGG/AAA, AGG/AGG, AGG/ATG, AGG/AAG. Los productos amplificados se separaron por electroforesis en geles de acrilamida al 6.5 % y se visualizaron en tiempo real utilizando un modelo de secuenciador automático (LICOR®; Lincoln, NE, EE.UU.) (Gálvez-López *et al.*, 2009).

Análisis estadístico

Las bandas AFLP se numeraron según su migración en los geles. La banda con el peso molecular más alto se numeró con 1, y las bandas subsecuentes se numeraron en orden de peso descendiente. Se asumió que dos bandas con la misma migración en distintas muestras de gel eran idénticas (Gálvez-López *et al.*, 2009). Se utilizó una matriz cero-uno para estimar los coeficientes de similitud (Nei y Li, 1979). Los coeficientes se usaron para estimar las similitudes genéticas entre genotipos y se construyó un dendrograma sencillo con base en el método Neighbor-Joining (NJ) (Felsenstein, 2004), utilizando los programas Phylip, NJ-Plot y TreeView 1.6.6 (Perrière y Gouy, 1996; Felsenstein, 2005). La diversidad genética dentro de las poblaciones se midió utilizando

Table 1. Mango accessions collected in Chiapas, México, and accessions from the Mango Germplasm Bank in Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Cotaxtla, Veracruz, México.**Cuadro 1. Muestras de mango recolectadas en Chiapas, México, y accesiones del Banco de Germoplasma de Mango del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Cotaxtla, Veracruz, México.**

Number	Local name/origin	Number	Local name/origin
Tuxtla Chico, Chiapas			
TCH01	Agua	TCH08	Platano
TCH02	Sin nombre 1	TCH09	Sin nombre 3
TCH03	Sin nombre 2	TCH10	Piña
TCH04	Oro	TCH11	Manzana
TCH05	Coche	TCH12	Piña
TCH06	Amatillo	TCH13	Cachetio
TCH07	Alcanforado	TCH14	Ajo
Escuintla, Chiapas			
ESC01	Piña	ESC09	Manzana Grande
ESC02	Amatillo	ESC10	Viejita
ESC03	Coche	ESC11	Oro
ESC04	Pomarrosa	ESC12	Tecolote
ESC05	Canela	ESC13	Pepino
ESC06	Tapanero	ESC14	Pija
ESC07	Manzana Chico	ESC15	Melon
ESC08	Manilon		
Huehuetan, Chiapas			
HUE01	Tecolote	HUE03	Alcanfor
HUE02	Manililla	HUE04	Amate
Pijijiapan, Chiapas			
PIJ01	Papaya	PIJ03	Cuero
PIJ02	Piña	PIJ04	Agua
Tapachula, Chiapas			
TAP01	Ataulfo1 (70)	TAP03	Ataulfo3 (50)
TAP02	Ataulfo2 (70)	TAP04	Ataulfo4 (30)
Germplasm Bank-INIFAP			
BGPT01	Patzcuaro (México)	BGHD11	Haden (USA)
BGAT02	Ataulfo (México)	BGBK12	Brooks (USA)
BGSÑ03	Señorita (Guatemala)	BGGM13	Gomera (Spain)
BGMN04	Manzanillo Nuñez (México)	BGKS14	Kensington (Australia)
BGES05	Esmeralda (México)	BGML15	Manila (Filipinas)
BGSS06	Sin semilla (México)	BGCB16	Carabao (India)
BGZL07	Zill (USA)	BGAM17	Amini (India)
BGKT08	Keitt (USA)	BGCM18	Cambodiana (Cambodia)
BGKN09	Kent (USA)	BGOD19	<i>M. odorata</i> (Thailand)
BGTA10	Tommy Atkins (USA)		

with Excel version 2000 for Windows. A similarity matrix was also used to perform a hierarchic analysis of molecular variance (AMOVA) (Huff *et al.*, 1993) using Arlequin 3.1 (Excoffier *et al.*,

la heterocigosidad promedio (*H*) y los porcentajes de loci polimórficos (*P*), con la versión Excel 2000 para Windows. Una matriz de similitud también se usó para hacer un análisis de

2005). The number of permutations to AMOVA's significance tests was 1000 (Felsenstein, 2004). For AMOVA, two hierarchies were assessed: groups (Mexican and no-Mexican mangos) and accessions within groups (mangos from five Chiapas locations; Mexican mangos from the Germplasm Bank; mangos from Florida; and mangos from other countries).

RESULTS AND DISCUSSION

AFLP analysis produced a total of 392 amplified bands and 331 polymorphic bands (84.4 %) (Table 2). AMOVA analysis indicated significant differences for all the hierarchies analyzed, although the higher variance values were found within mango accessions (86.26 %). Fixation indexes for hierarchies ($F_{SC} = 0.0953$, $F_{ST} = 0.2374$, $F_{CT} = 0.0465$, for groups, accessions within groups, and within accessions) indicated significant genetic differentiation among and within populations (Table 3). The dendrogram showed two major groups of accessions. One included accessions from Chiapas, although Ataulfo mangos were closely related to Manila, Carabao, Amini and Cambodiana mangos, which are native to Asia. The second group included Mexican and non-Mexican bred genotypes from the Germplasm Bank. Bred mangos were separated from Chiapas mangos while *M. odorata* was different from all other *M. indica*

jerarquía de la varianza molecular (AMOVA) (Huff *et al.*, 1993), utilizando Arlequin 3.1 (Excoffier *et al.*, 2005). El número de permutaciones para las pruebas de significancia de AMOVA fue 1000 (Felsenstein, 2004). Para AMOVA, se evaluaron dos jerarquías: grupos (mangos mexicanos y no mexicanos) y accesiones dentro de los grupos (mangos de cinco localidades de Chiapas; mangos mexicanos del Banco de Germoplasma; mangos de Florida; y mangos de otros países).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis AFLP produjo un total de 392 bandas amplificadas y 331 bandas polimórficas (84.4 %) (Cuadro 2). El análisis AMOVA indicó diferencias significativas para todas las jerarquías analizadas, aunque los valores de varianzas más altos se encontraron dentro de las accesiones de mango (86.26 %). Los índices de fijación para jerarquías ($F_{SC} = 0.0953$, $F_{ST} = 0.2374$, $F_{CT} = 0.0465$, para grupos, accesiones dentro de los grupos, y dentro de las accesiones) indicaron una diferenciación genética significativa entre y dentro de las poblaciones (Cuadro 3). El dendrograma mostró dos grupos importantes de accesiones. Una incluyó accesiones de Chiapas, aunque los mangos Ataulfo estaban relacionados cercanamente con los mangos Manila, Carabao, Amini y Cambodiana, que son nativos de Asia. El segundo grupo incluyó

Table 2. Amplified products and polymorphism by AFLP primer combination used to analyze mango germplasm from Chiapas, México.

Cuadro 2. Productos amplificados y polimorfismo de la combinación de iniciadores AFLP utilizada para analizar el germoplasma de mango de Chiapas, México.

AFLP oligonucleotide combination (EcoRI/MseI)	Amplified bands	Polymorphic bands	Polymorphism (%)
AGG/AAA	122	98	87.5
AGG/AGG	105	97	92.38
AGG/ATG	83	66	79.5
AGG/AAG	82	70	85.36
Total	392	331	84.43

Table 3. Analysis of molecular variance of mango germplasm from Chiapas, México and Mango Germplasm Bank in Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Cotaxtla, Veracruz, México.

Cuadro 3. Cuadro 3. Análisis de la varianza molecular del germoplasma de mango de Chiapas, México, y el Banco de Germoplasma de Mango del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Cotaxtla, Veracruz, México.

Source of variation	df	Sum of squares	Variance components	Variation (%)	P
Among groups	1	135.2	2.5	4.65	NS
Among populations within groups	6	492.4	4.9	9.09	NS
Within populations	52	2438.2	46.9	86.26	**
Total	59	3065.8	54.3	100.00	

accessions (Figure 1), as was previously found by Yamanaka *et al.* (2006). H_o values were 0.260 (Tuxtla Chico), 0.134 (Tapachula), 0.178 (Huehuetán), 0.254 (Escuintla) and 0.166 (Pijijiapan).

Broad genetic diversity was found in native mango in Chiapas. We assumed that optimal conditions for free recombination among mangos introduced from other countries were common for farmers in Chiapas.

cultivares mexicanos y no mexicanos del Banco de Germoplasma. Los cultivares se separaron de las accesiones de Chiapas, aunque *M. odorata* fue distinta de todas las otras muestras de *M. indica* (Figura 1), como lo habían reportado con anterioridad Yamanaka *et al.* (2006). Los valores H_o fueron 0.260 (Tuxtal Chico), 0.134 (Tapachula), 0.178 (Huehuetán), 0.254 (Escuintla) y 0.166 (Pijijiapan).

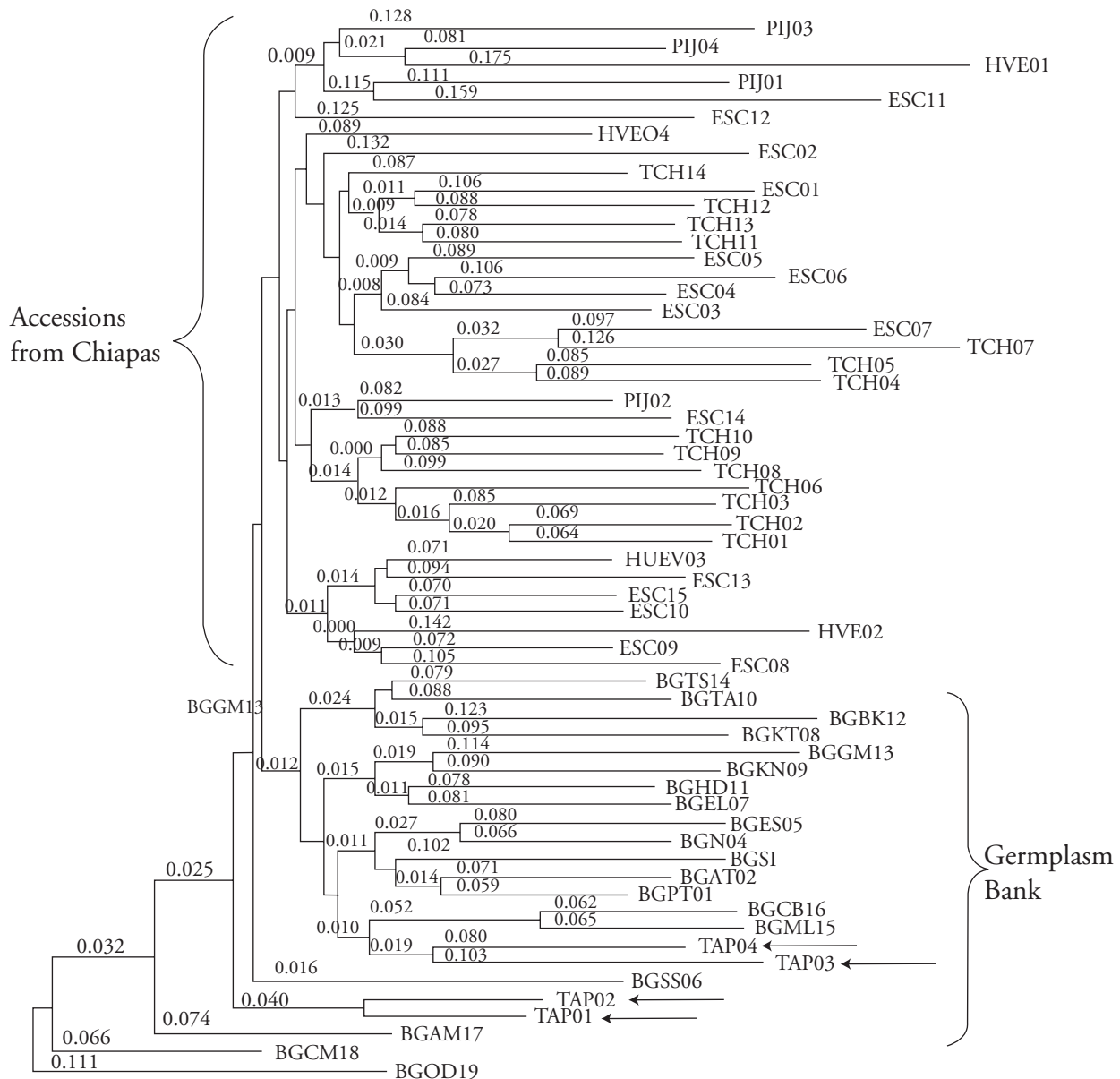


Figure 1. Neighbor-Joining dendrogram of mango accessions based on AFLP data. Arrows indicate Ataulfo mangos from Tapachula, México.

Figura 1. Dendrograma Neighbor-Joining de accesiones de mango con base en datos de AFLP. Las flechas indican mangos Ataulfo de Tapachula, México.

The highest polymorphism detected in mango landraces from Chiapas (84.43 %) compared with breed mangos (López-Valenzuela *et al.*, 1997) (74 %) must be due to the fact that AFLP is a more robust marker methodology than RAPD for plant analysis (Canchignia-Martínez *et al.*, 2007). In addition, landraces are more genetically diverse than breed cultivars despite high levels of coancestry. Ediahtong *et al.* (2000) reported 77 % of polymorphisms in 14 *Mangifera* species analyzed with AFLPs and Yamanaka *et al.* (2006) > 96% of polymorphism among and within four *Mangifera* species. In this sense, Gálvez-López *et al.* (2009) found >87 % of polymorphisms in mango accessions from México and other countries. Differences in polymorphisms are related to the genetic nature and origins of germplasm, as well as to the high level of coancestry among breed mango cultivars world-wide. Because AMOVA indicated significant differences among and within populations from Chiapas, we assume that differences can be associated with gene exchange resulting from the migration of new populations or recombinants naturally produced in mango orchards in southern Chiapas. Mango populations were introduced from Asia to the Caribbean in the 18th century (Duval *et al.*, 2009) and to México in the 18th and 19th centuries (Gálvez-López *et al.*, 2007a), and they were well adapted to climatic conditions in the country. In southern Chiapas, common practices by farmers consist of allowing mango fruits to germinate and produce sexual plants that are derived from natural and random recombined-sexual plants. When recombinants show desirable traits, trees are propagated and planted. It is therefore common to see small backyards including a broad range of mango phenotypes (Gálvez-López *et al.*, 2010).

Genetic differentiation ($F_{ST}=0.13743$) among populations was moderated and indicated relative coancestry among populations as well as the absence of geographic isolation for recombination. Phylogenetic analysis showed genetic differentiation between mango landraces in Chiapas and accessions from Germplasm Bank. Our results suggest that native mango populations show genetic differences based on geographical origin and their known history (Duval *et al.*, 2009; Hirano *et al.*, 2010) and that genetic exchange persists (Rivera-Ocasio *et al.*, 2002). Similar separations among mango accessions

Se encontró una diversidad genética amplia en el mango nativo de Chiapas. Se consideró que las condiciones óptimas para la recombinación libre entre mangos introducidos de otros países fue algo común entre los agricultores en Chiapas. El polimorfismo mayor, detectado en razas nativas de Chiapas (84.43 %), en comparación con los mangos cultivados (López-Valenzuela *et al.*, 1997) (74 %), debe ser por el hecho de que AFLP es una metodología de marcador más robusta que RAPD para análisis de plantas (Canchignia-Martínez *et al.*, 2007). Además, las razas nativas son más diversas genéticamente que las variedades cultivadas y tienen altos niveles de co-ascendencia. Ediahtong *et al.* (2000) reportaron 77 % de polimorfismos en 14 especies de *Mangifera* analizadas con AFLP, y Yamanaka *et al.* (2006), >96% de polimorfismo entre y dentro cuatro especies de *Mangifera*. En este sentido, Gálvez-López *et al.* (2009) encontraron >87 % de polimorfismos en accesiones de mango de México y otros países. Las diferencias en polimorfismos se relacionan con la naturaleza genética y los orígenes del germoplasma, así como con el alto nivel de co-ascendencia entre cv. de mango alrededor del mundo. Debido a que AMOVA indicó diferencias significativas entre y dentro de las poblaciones de Chiapas, se consideró que las diferencias pueden asociarse con el intercambio de genes que resulta de la migración de nuevas poblaciones o recombinantes naturalmente producidos en huertos de mango en el sur de Chiapas. Las poblaciones de mango se introdujeron desde Asia al Caribe en el siglo XVIII (Duval *et al.*, 2009), y a México en los siglos XVIII y XIX (Gálvez-López *et al.*, 2007a), y se adaptaron bien a las condiciones climáticas en el país. En el sur de Chiapas, prácticas comunes entre agricultores consisten en permitir que los frutos de mango germinen y produzcan plantas sexuales que se derivan de plantas con recombinación sexual natural y aleatoria. Cuando los recombinantes muestran caracteres deseables, los árboles se propagan y se plantan. Por tanto, es común ver pequeños jardines que presentan un amplio rango de fenotipos de mango (Gálvez-López *et al.*, 2010).

La diferenciación genética ($F_{ST} = 0.13743$) entre las poblaciones fue moderada e indicó una co-ascendencia relativa entre las poblaciones, así como la ausencia de aislamiento geográfico para la recombinación. El análisis filogenético mostró diferenciación genética entre las razas nativas de mango en Chiapas

based on geographical origins have been found (Karihaloo *et al.*, 2003; Viruel *et al.*, 2005; Pandit *et al.*, 2007, Rajwana *et al.*, 2008).

Breed mangos from USA and other countries (Australia and Spain) are mono-embryonic while Mexican mangos are commonly poly-embryonic. Mexican mangos are called 'manila' and they have intermediate fruit size, orange or yellow fruit color, low-intermediate fiber density and oblong fruit shape with acute apex; foreign breed mangos are commonly named 'petacones' and they show intermediate to large fruit size, shape from roundish to ovoid, green-red-purple colors, and intermediate-large fiber density (Gálvez-López *et al.*, 2010). Differences between mangos from Chiapas from all other from Germplasm Bank suggest the empirical selection and cultivation of those preferred by local consumers.

CONCLUSIONS

Genetic analysis indicated significant genetic diversity in mango germplasm adapted in Chiapas, México, and genetic differentiation among and within mango accessions. Mangos from Chiapas were different to other mangos from México and other countries.

ACKNOWLEDGEMENTS

This study was supported by Instituto Politécnico Nacional (grant CGPI-20050084) and Fondo Mixto de Fomento a la Investigación Científica y Tecnológica CONACYT-Gobierno del Estado de Tamaulipas. D. Gálvez-López also grateful to CONACYT (fellow 169661), PIFI-IPN, Club Rotario de Reynosa A. C. and FOMIX-Tamaulipas (grant TAMPS-2003-C02-09) for financial support of her M. Sc. program at CBG-IPN. S. Hernández-Delgado and N. Mayek-Pérez are S.N.I., EDI-IPN and COFAA-IPN scholarship recipients.

LITERATURE CITED

- Anju, B., R. S. Srivastava, and R. Chandra. 2008. Genetic diversity and discrimination of mango accessions using RAPD and ISSR markers. *Indian J. Hort.* 65:377-382.
- Canchignia-Martínez, H. F., S. Hernández-Delgado, M. González-Paz, E. Motte, and N. Mayek-Pérez. 2007. Genetic relationships among *Schizolobium parahybum* (Vell.) Blake (Leguminosae) ecotypes from Ecuador and other countries. *Silv. Genet.* 56:214-221.
- Doyle, J. J., and J. L. Doyle. 1987. A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochem. Bull.* 19:11-15.

y las accesiones del Banco de Germoplasma. Estos resultados sugieren que las poblaciones de mango nativas muestran diferencias genéticas con base en el origen geográfico y su historia conocida (Duval *et al.*, 2009; Hirano *et al.*, 2010), y que el intercambio genético persiste (Rivera-Ocasio *et al.*, 2002). Se han encontrado separaciones similares entre accesiones de mango con base en orígenes geográficos (Karihaloo *et al.*, 2003; Viruel *et al.*, 2005; Pandit *et al.*, 2007; Rajwana *et al.*, 2008).

Los mangos cultivados de EE.UU. y otros países (Australia y España) son mono-embriónicos, mientras que los mangos mexicanos son comúnmente poli-embriónicos. Los mangos mexicanos se conocen como 'manila' y tienen un fruto de tamaño intermedio, color anaranjado o amarillo, con densidad de fibra baja-intermedia y forma oblonga con un ápice agudo; los mangos de razas extranjeras comúnmente se conocen como 'petacones' y muestran un fruto tamaño intermedio a grande, con forma de redondeada a ovoide, colores verde-rojo-morado, y densidad de fibra intermedia-grande (Gálvez-López *et al.*, 2010). Las diferencias entre mangos de Chiapas y todos los otros del Banco de Germoplasma señalan la selección empírica y el cultivo de los preferidos por los consumidores locales.

CONCLUSIONES

El análisis genético indicó una diversidad genética significativa en el germoplasma de mango adaptado en Chiapas, México, y una diferenciación genética entre y dentro las recolectas de mango. Los mangos de Chiapas fueron distintos a otros mangos de México y de otros países.

—Fin de la versión en Español—



- Duval, M. F., J. Bunel, C. Sitbon, and A. M. Risterucci. 2005. Development of microsatellite markers for mango (*Mangifera indica* L.). *Mol. Ecol. Notes* 5:824-826.
- Duval, M. E., A. M. Risterucci, C. Calabre, F. Le Bellec, J. Bunel, and C. Sitbon. 2009. Genetic diversity of Caribbean mangoes (*Mangifera indica* L.) using microsatellite markers. *Acta Hort.* 820:183-188.
- Eiadthong, W., K. Yonemori, S. Kanzai, A. Sugiura, N. Utsunomiya, and S. Subhadrabandhu. 2000. Amplified fragment length polymorphism analysis for studying genetic relationships among *Mangifera* species in Thailand. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* 125:160-164.

- Excoffier, L., G. Laval, and S. Schneider. 2005. Arlequin ver. 3.0: An integrated software package for population genetics data analysis. *Evol. Bioinformatics Online* 1:47-50.
- Felsenstein, J. 2004. *Inferring Phylogenies*. Sinauer Associates. Sunderland, USA. 580 p.
- Felsenstien, J. 2005. PHYLIP (Phylogeny Inference Package) version 3.6. Distributed by the author. Department of Genome Sciences, University of Washington, Seattle, Washington <http://evolution.genetics.washington.edu/phylip/software.html>. (accessed September, 2008).
- Gálvez-López, D., M. L. Adriano-Anaya, C. Villarreal-Treviño, N. Mayek-Pérez, y M. Salvador-Figueroa. 2007a. Caracterización isoenzimática de mango criollo de Chiapas. *Rev. Chapingo Serie Horticultura* 13:71-76.
- Gálvez-López, D., M. Salvador-Figueroa, y N. Mayek-Pérez. 2007b. Diversidad morfológica del fruto en germoplasma de mango nativo de Chiapas, México. *Cuadernos de Biodiversidad* 24:10-19.
- Gálvez-López, D., S. Hernández-Delgado, M. González-Paz, E. N. Becerra-Leor, M. Salvador-Figueroa, and N. Mayek-Pérez. 2009. Genetic analysis of mango landraces from México based on molecular markers. *Plant Genet. Resour. Characterization & Utilization* 7:244-251.
- Gálvez-López, D., M. Salvador-Figueroa, M. L. Adriano-Anaya, and N. Mayek-Pérez. 2010. Morphological characterization of native mangos from Chiapas, México. *Subtropical Plant Sci.* 62:18-26.
- Hirano, R., T. Htun-Oo, and K. N. Watanabe. 2010. Myanmar mango landraces reveal genetic uniqueness over common cultivars from Florida, India, and Southeast Asia. *Genome* 53:321-330.
- Huff, D. R., R. Peakall, and P. E. Smouse. 1993. RAPD variation within and among natural populations of outcrossing buffalograss [*Buchöe dayloides* (Nutt.) Engelm.]. *Theor. Appl. Genet.* 86:927-934.
- Karihaloo, J. L., Y. K. Dwivedi, S. Archak, and A. B. Gaikwad. 2003. Analysis of genetic diversity of Indian mango cultivars using RAPD markers. *J. Hort. Sci. & Biotechnol.* 78:285-289.
- Karp, A., S. Kresovich, K. V. Bhat, W. G. Ayad, and T. Hodgkin. 1997. Molecular tools in plant genetics resources conservation: a guide to the technologies. Technical Bulletin No. 2. IPGRI, Rome, Italy. 47 p.
- Kashkush, K., J. Fang, T. Eli, H. Jossi, and U. Lavi (2001). Cultivar identification and genetic map of mango (*Mangifera indica*). *Euphytica* 122:129-136.
- Krishna, H. and S. K. Singh. 2007. Biotechnological advances in mango (*Mangifera indica* L.) and their future implication in crop improvement: a review. *Biotechnol. Adv.* 25:223-243.
- López-Valenzuela, J. A., O. Martínez, and O. Paredes-López. 1997. Geographic differentiation and embryo type identification in *Mangifera indica* L. cultivars using RAPD markers. *HortScience* 32:1105-1108.
- Lynch, M., and B. G. Milligan. 1994. Analysis of population genetic structure with RAPD markers. *Mol. Ecol.* 3:91-99.
- Macaubas, C., J. Li, J. Hallmayer, A. Kimura, and E. Mignot. 1997. The complex mutation pattern of a microsatellite. *Genome Res.* 7: 635-641.
- Nei, M., and W. Li. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. *Proc. Nat. Acad. Sci., USA* 76:5256-5273.
- Pandit, S. S., S. Mitra, A. P. Giri, K. H. Pujari, B. P. Patil, N. D. Jumbhale, and V. S. Gupta. 2007. Genetic diversity analysis of mango cultivars using inter simple sequence repeat markers. *Curr. Sci.* 93:1135-1141.
- Perriere, G., and M. Gouy. 1996. WWW-Query: An on-line retrieval system for biological sequence banks. *Biochimie* 78:364-369.
- Rajwana, I. A., N. Tabbasam, A. U. Malik, S. A. Malik, M. Rahman, and Y. Zafar. 2008. Assessment of genetic diversity among mango (*Mangifera indica* L.) genotypes using RAPD markers. *Sci. Hort.* 117:297-301.
- Rivera-Ocasio, E., T. M. Aide, and O. McMillan. 2002. Patterns of genetic diversity and biogeographical history of the tropical wetland tree, *Pterocarpus officinalis* (Jacq.), in the Caribbean basin. *Mol. Ecol.* 11:675-677.
- Schnell, R. J., C. T. Olano, W. E. Quintanilla, and A. W. Meerow. 2005. Isolation and characterization of 15 microsatellite loci from mango (*Mangifera indica* L.) and cross-species amplification in closely related taxa. *Mol. Ecol. Notes* 5:625-627.
- Sistema de Información Agropecuaria (SIAP). 2010. Sistema de Información Agropecuaria de Consulta. SAGARPA. México. http://www.siap.sagarpa.gob.mx/ar_comanuar.html (Date: August, 2010).
- Vos, P., R. Hogers, M. Bleeker, M. Reijans, T. van de Lee, M. Hornes, A. Frijters, J. Pot, J. Peleman, M. Kuiper, and M. Zabeau. 1995. AFLP: A new technique for DNA fingerprinting. *Nuc. Acids Res.* 23:4407-4414.
- Viruel, M. A., P. Escribano, M. Barbieri, M. Ferri, and J. I. Hormaza. 2005. Fingerprint, embryo type, and geographic differentiation in mango (*Mangifera indica* L., Anacardiaceae) with microsatellites. *Mol. Breed.* 15:383-393.
- Yamanaka, N., M. Hasran, D. He-Xu, H. Tsunematsu, S. Idris, and T. Ban. 2006. Genetic relationships and diversity of four *Mangifera* species revealed through AFLP analysis. *Genet. Resour. Crop Evol.* 53:949-954.