

Resumen

El aguacate (*Persea americana* Mill.) es un árbol perenne cuyo fruto es uno de los más consumidos a nivel mundial, por ser fuente principal de potasio y ácidos grasos monoinsaturados. En el país, representa un rubro significativo para la exportación. Este estudio tiene como objetivo analizar la diversidad genética de la colección de aguacate de la Estación Experimental Tropical Pichilingue. Se realizó una caracterización molecular del banco de germoplasma del cultivo (155 individuos) usando 10 microsatélites, con un promedio de 13 alelos por locus. Todos los marcadores utilizados demostraron ser significativamente informativos. Por medio de un análisis bioinformático, se determinó que existe una diversidad genética baja ($H_o = 0.464$, $H_e = 0.743$ y $I = 1.844$) en comparación con otras poblaciones. La estructura poblacional está compuesta por 2 grupos que genéticamente son cercanos según el análisis de coordenadas principales (PCoA). El primer conglomerado está compuesto por muestras recolectadas en la Costa y el segundo en su mayoría por muestras de la Sierra. Para la visualización de los resultados se construyó un dendograma por el método de *Neighbor Joining* con las distancias de Nei obtenidas. Es relevante conocer la variación genotípica de los individuos, principalmente para el manejo y conservación del cultivo.

Palabras clave

- **DIVERSIDAD GENÉTICA**
- **GENOTIPADO**
- **AGUACATE**
- **MICROSATÉLITES**

Abstract

Avocado (*Persea americana* Mill.) is one of the most consumed fruits worldwide. It is a source of potassium and fatty acids. A national level represents a significant item for export. This study aims to analyze the genetic diversity of the avocado collection of the Pichilingue Tropical Experimental Station. Molecular characterization of the avocado germplasm collection) was made with 10 microsatellites and an average of 13 alleles per locus. All markers used proved to be significantly informative. In bioinformatics análisis, we concluded that the germplasm bank has a low genetic diversity ($H_o = 0.464$, $H_e = 0.743$ and $I = 1.844$) compared to other populations. The population structure is composed of two clusters. That is genetically close according to principal coordinate analysis (PCoA). The first conglomerate was formed by samples collected on the Coast. The second most by samples from the Sierra. The dendrogram was built using the Neighbor-Joining method with the Nei distances obtained. It is to visualize the results. It is relevant to know the genotypic variation of individuals, mainly for the management and conservation of the crop.

Keywords

- **GENETIC DIVERSITY**
- **GENOTYPING**
- **AVOCADO**
- **MICROSATELLITES**