

RESUMEN

El aguacate (*Persea americana* M.) debido a sus valiosas características como sabor, alto rendimiento, calidad y demanda se ha convertido en un producto con alto interés. Por esta razón, en la presente investigación se realizó un estudio de la variabilidad genética en este frutal. Se caracterizó molecularmente 18 muestras de aguacate de tipo Nacional recolectadas en los valles Interandinos del Sur del Ecuador y 182 de la colección de trabajo de aguacate de la Granja Experimental Tumbaco perteneciente al Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias, determinándose la diversidad y estructura genética. Además, se efectuó el análisis global con 48 materiales de tipo Nacional de los Valles del Centro-Norte. Se utilizó 10 microsatélites mediante la técnica M13-Tailing. Las muestras fueron genotipadas en el analizador de ADN LI-COR 4300. Por otro lado, se caracterización morfológicamente 32 ecotipos del INIAP.

Los análisis de diversidad genética revelaron un total 110 alelos en los 10 locus, con un promedio de 11 alelos/locus. El locus AV5 fue el más polimórfico. El PIC reportado fue de 0,73, la heterocigosidad esperada de 0,77 y la Heterocigosidad observada de 0,65, siendo indicadores de la alta diversidad genética. Se determinó la falta de estructura genética en aguacate con el análisis de similitud UPGMA y un análisis de coordenadas principales PCO. El análisis global reveló que las colectas de materiales de tipo Nacional en 6 provincias de los Valles Interandinos del Ecuador, muestran una diferencia genética de 4%, mientras que en comparación con los materiales introducidos de la colección de trabajo del INIAP presentan una diferencia genética del 17%.