

Análisis para la determinación de los centros de origen, domesticación y diversidad genética del género *Persea* y la especie *Persea americana* (aguacate).

Institución u organización: Universidad Nacional Autónoma de México

Dependencia: Instituto de Ecología

Departamento: Ecología Evolutiva

Laboratorio de Genética y Evolución

Domicilio: Ciudad Universitaria. Delegación Coyoacán A.P. 70-614, C.P. 04510.

Teléfono: 56229001/28.

E-mail: lojb@hp.fciencias.unam.mx

Responsable técnico del proyecto: Dr. Daniel Piñero Dalmau

Puesto: Coordinador de Posgrado del Instituto de Ecología, UNAM

Tel. 56 22 89 97, Fax: 56 2289 97.

Correo electrónico: pinero@ecologia.unam.mx

Co-responsables: Biol. Lev Orlando Jardón Barbolla, Biol. Valeria Alavez, M. en C. Ana Laura Wegier Briuolo y Dr. Michael T. Clegg

Datos del responsable administrativo: Lic. Daniel Zamora

Puesto: Secretario Académico

Tel. 56 22 90 35, Fax: 56 22 90 35.

Correo electrónico: dzamora@ecologia.unam.mx

Grupos taxonómicos: Género *Persea*, *Persea americana*

Región geográfica: México

Lista de resultados y productos:

Primer Informe Parcial:

Documento 1

Información actualizada sobre las especies del género *Persea* que se distribuyen en México, incluyendo una revisión bibliográfica crítica del estado actual del conocimiento sobre la filogenia y la biogeografía de *Persea* y lauráceas afines.

Segundo Informe Parcial:

Documento 2

Información sobre la biología de *Persea americana* y sus parientes silvestres distribuidos en México. Se pondrá especial atención en la biología reproductiva y los patrones ecológicos más frecuentes dentro del género.

Tercer Informe Parcial:

Documento 3

Mapa de distribución potencial de *Persea americana*. Se entregará la base de datos revisada a partir de la cual se obtendrían los puntos de referencia para la elaboración de los mapas.

Documento 4

Mapas de distribución potencial para las especies *Persea schiedeana* y *Persea cinnerascens*, parientes silvestres cercanos de *Persea americana*.

Cuarto Informe Parcial:

Documento 5

Análisis de los elementos que permitan sostener a México como Centro de origen, domesticación y/o diversidad para *Persea americana*. En este mismo documento se incluirán algunas recomendaciones y elementos a considerar para conservación de la diversidad de esta especie y su cultivo a partir de lo que se conoce de él.

Informe Final:

Documento 6

Panorámica de algunas de las áreas donde es necesario profundizar la investigación sobre el género *Persea* y consideraciones sobre la relevancia de estos temas a corto,

mediano y largo plazo en el contexto de la conservación de esta diversidad. Se pondrá especial énfasis en la discusión de los elementos necesarios para evaluar con más profundidad la distribución de la diversidad genética de las variedades cultivadas de *Persea americana*.

Documento 7

Resumen del proyecto con las conclusiones generales y recomendaciones, tanto para la conservación del grupo, como en torno a los problemas que presenta el estudio de esta especie domesticada y lo que hace falta por investigar.

Monto total solicitado: \$200,000.00

Duración del proyecto: 9 meses

Resumen

Este proyecto pretende generar elementos para la SEMARNAT respecto a la información existente del género *Persea* y en particular de la especie *Persea americana* (aguacate) de la que México es centro de origen y de diversidad genética así como de las áreas geográficas en las que se localicen y propuestas de medidas para su protección, de acuerdo a lo establecido en los artículos 86 y 87 de la Ley de Bioseguridad de los Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM) y al artículo 23, fracción XXIX del Reglamento Interior de SEMARNAT.

Palabras clave: *Persea*, *Persea americana*, México, centros de origen, centros de diversidad genética.

Objetivos generales

Proporcionar elementos sobre la especie *Persea americana* para ayudar en la determinación de centros de origen y centros de diversidad genética de esta especie, con base a lo establecido en el artículo 86 de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados.

Objetivos particulares

- Recabar la información existente en la literatura científica sobre la evolución de *Persea americana*.
- Revisar la diversidad taxonómica del género *Persea* en México y sus relaciones filogenéticas.
- Recabar la información biogeográfica actual sobre este grupo, que permita aproximarse a conocer sus centros de origen y diversidad.
- Recabar información sobre la ecología y la biología reproductiva de *Persea americana*.
- Aportar elementos útiles para la conservación de la diversidad de este género.
- Proponer estrategias de investigación para poder identificar los centros de origen y diversidad de *Persea americana*.

Antecedentes

La Ley de Bioseguridad de los Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM) establece en sus artículos 86 y 87 lo siguiente:

“ARTÍCULO 86.- Las especies de las que los Estados Unidos Mexicanos sea centro de origen y de diversidad genética así como las áreas geográficas en las que se localicen, serán determinadas conjuntamente mediante acuerdos por la SEMARNAT y la SAGARPA, con base en la información con la que cuenten en sus archivos o en sus bases de datos, incluyendo la que proporcione, entre otros, el Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática, el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, el Instituto Nacional de Ecología, la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad y la Comisión Nacional Forestal, así como los acuerdos y tratados internacionales relativos a estas materias. La SEMARNAT y la SAGARPA establecerán en los acuerdos que expidan, las medidas necesarias para la protección de dichas especies y áreas geográficas.”

“ARTÍCULO 87.- Para la determinación de los centros de origen y de diversidad genética se tomarán en cuenta los siguientes criterios:”

“I. Que se consideren centros de diversidad genética, entendiendo por éstos las regiones que actualmente albergan poblaciones de los parientes silvestres del

OGM de que se trate, incluyendo diferentes razas o variedades del mismo, las cuales constituyen una reserva genética del material, y

II. En el caso de cultivos, las regiones geográficas en donde el organismo de que se trate fue domesticado, siempre y cuando estas regiones sean centros de diversidad genética.”

Derivado de la publicación de la LBOGM y de acuerdo con las modificaciones realizadas al Reglamento Interior de SEMARNAT a fin de dar cumplimiento a las obligaciones derivadas de dicha Ley, las cuales fueron publicadas en el 29 de noviembre de 2006, corresponde a la Dirección General del Sector Primario y Recursos Naturales Renovables (DGSPRNR), de acuerdo al artículo 23, fracción XXIX lo siguiente:

“XXIX. Determinar los centros de origen y de diversidad genética, conjuntamente con la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación, con la participación que corresponda a las unidades administrativas, órganos desconcentrados y entidades competentes del sector, así como de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad, y (DOF 29-XI-06)”

A fin de llevar a cabo dicha determinación, de acuerdo a lo establecido en el artículo 87 de la LBOGM se debe contar con información actualizada sobre las regiones que albergan poblaciones de los parientes silvestres del OGM de que se trate, incluyendo razas o variedades del mismo. Lo anterior implica un proceso de recopilación de información, análisis de la misma en cuanto a su estado de actualidad e identificación de los vacíos de información, a fin de contar con los elementos necesarios para proceder con la determinación de los centros de origen y diversidad genética de manera conjunta con SAGARPA.

Una de las instituciones indicadas a ser consultada respecto a los preceptos del artículo 86 y 87 de la citada Ley, que mandata la determinación de Centros de Origen y Diversidad Genética así como del Reglamento Interior de SEMARNAT es la Comisión

Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (CONABIO). En el 2006, en respuesta a una solicitud de información sobre maíz de la SAGARPA la CONABIO preparó un documento base de posición sobre el caso particular del maíz, en el que se concluyó la necesidad de iniciar y en algunos casos, continuar con los trabajos de exploración nacional, ya que la información con que se cuenta no está actualizada y podría conducir a interpretaciones poco claras de la situación actual de la diversidad del maíz en México, reflejándose en un instrumento normativo que no protegería ni conservaría a la diversidad biológica. Por lo que se asignó a la CONABIO la tarea de coordinar los proyectos que compilarán la información necesaria para realizar análisis sólidos con datos actualizados y así poder cumplir con los preceptos del artículo 86 de la LBOGM en el caso del maíz.

Justificación

Este proyecto responde a la convocatoria lanzada por la CONABIO a finales de 2008 para generar elementos para la SEMARNAT respecto a la información existente de las especies de las que México sea centro de origen y de diversidad genética, así como las áreas geográficas en las que se localicen y propuestas de medidas para su protección, de acuerdo a lo establecido en los artículos 86 y 87 de la Ley de Bioseguridad de los Organismos Genéticamente Modificados (LBOGM) y al artículo 23, fracción XXIX del Reglamento Interior de SEMARNAT.

Marco biológico general del proyecto

Persea americana

El aguacate (*Persea americana* Mill.) es una especie perteneciente a la numerosa familia de las Lauráceas, la cual comprende alrededor de 55 géneros primordialmente distribuidos en regiones tropicales y subtropicales (Bergh, 1986, Rohwer, 1993). En América, el género *Persea* incluye dos subgéneros: *Eriodaphne* y *Persea* (en Asia existe otro subgénero, *Machilus*; Rohwe, 1993). *Eriodaphne* es el subgénero más numeroso con 75 spp., mientras que las 5 especies del subgénero *Persea*, incluyendo a *Persea americana* Mill., se distribuyen del centro de México hacia el sur, pasando por Guatemala y cubriendo la mayor parte de Centroamérica (Campos Rojas *et al.*, 2007). Inclusive, se reconoce que el aguacate se dispersó hacia el sudeste de Estados Unidos,

las antillas y gran parte de Sudamérica a causa del aprecio que las civilizaciones humanas desarrollaron por este árbol y su fruto, al consumirlo y cultivarlo (Sánchez-Pérez, 1999).

La evidencia arqueológica más antigua (restos de esta planta en cuevas) respecto a la domesticación del aguacate, encontrada en Tehuacán, Puebla, México, señala que el consumo del mismo ya se llevaba a cabo hacia los años 8000 – 7000 A.C. (Galindo-Tovar *et al.* 2007). Por otra parte, el descubrimiento de semillas de mayor tamaño encontradas en Tehuacán y el Valle de Oaxaca en estratos arqueológicos más recientes, sugieren que entre los años 4000 – 2800 A.C. el aguacate pudo comenzar a ser sometido a selección humana (Ashworth y Clegg, 2003; Chen *et al.*, 2009).

El origen del aguacate es un tema que presenta una controversia importante debido a que, evidencia etnobotánica y estudios con marcadores moleculares, indican que pudo haber sido domesticado 3 veces a partir de poblaciones geográficamente distintas (Chen *et al.*, 2009). El supuesto progenitor silvestre del aguacate cultivado correspondería a una especie arbórea polimórfica distribuida ampliamente de México a Centroamérica. A partir de estas poblaciones, en el neolítico, los descendientes domesticados primitivos serían seleccionados artificialmente, remplazando completamente al ancestro silvestre de *P. americana* por 3 ecotipos de aguacate muy definidos y de cuyos supuestos centros de origen reciben su nombre: el guatemalteco (*Persea americana* Mill. var. *guatemalensis* [L. O. Williams] Scora, nom. inval. = *Persea nubigena* var. *guatemalensis* L. O. Williams), el mexicano (*Persea americana* Mill. var. *drymifolia* [Schltdl. & Cham.] S.F. Blake) y el indio occidental (*Persea americana* Mill. var. *americana* Mill), aunque recientemente se sostiene que este último es, también, de origen guatemalteco (Ashworth y Clegg, 2003; Chen *et al.*, 2009). Otras especies antes reconocidas como *Persea steyermarkii* y *P. floccosa*, han sido tratadas en la literatura reciente acerca del género como sinónimas de *P. americana* (Lorea-Hernández, 2002; Van der Werff, 2002).

Dentro del ya de por sí alto porcentaje de endemismo presente en la Familia Lauraceae para México (alrededor del 50%, Lorea-Hernández, 2002), el género *Persea* presenta un porcentaje de endemismo aún mayor, de 6665 (Lorea-Hernández, 2002). Esto permite suponer que el país ha sido un centro de diversificación importante para el

género *Persea*, es decir, que una fracción significativa de sus especies podrían haber evolucionado en México.

Un largo periodo de polinización abierta y de hibridación entre las 3 razas anteriores ha dado como resultado los cultivos modernos, los cuales se componen de mezclas intervariedades caracterizadas con poca precisión (Chen *et al.*, 2009; Davis *et al.*, 1998).

Los centros de origen y domesticación

Los conceptos de ‘centro de origen’ y ‘centro de domesticación’ hacen referencia a procesos evolutivos distintos. El origen de cualquier planta cultivada está dado por dos aspectos: *a)* el origen del taxón previo a la domesticación, como un resultado de procesos evolutivos en hábitats silvestres, y *b)* su origen como cultivo, o en otras palabras, la historia de su domesticación. La evolución ocurre en ambos casos, pero aparte de la variación por mutación, es el resultado de las fuerzas evolutivas (naturales) en el primer caso y de la influencia humana y la selección artificial en el segundo. Algunas plantas fueron tan severamente modificadas en el proceso de domesticación que se distinguen como especies en sí mismas y se considera que tuvieron su origen en cultivo, como *Brassica napus*, *Raphanus sativus*, entre otras, y éstas carecen de una historia evolutiva previa. Muchas plantas también se adaptan al hombre sin ser necesariamente cultivos –como las malezas, por ejemplo. La relación entre las malezas y los cultivos no es únicamente de competencia. La adaptación a hábitats perturbados y un hábito vigoroso han hecho a algunas a malezas y árboles de vegetación secundaria, más susceptibles a la domesticación (por ejemplo, *Daucus carota* como cultivo y como maleza es la misma especie). Por otro lado, muchas malezas contemporáneas son a menudo plantas escapadas de cultivos (*Medicago sativa*) (Gómez-Campo, 1999).

La domesticación es el resultado final de un proceso que comienza con la explotación de una especie silvestre, continúa con el cultivo de organismos seleccionados por poseer atributos de interés pero que todavía no se distinguen genéticamente de su pariente silvestre y, finalmente, termina con la fijación, a través de la selección humana, de diferencias morfológicas y por lo tanto genéticas que distinguen a las plantas cultivadas de su progenitor silvestre (Casas *et al.*, 2007). Estas diferencias por lo general generan que la planta pierda su capacidad de sobrevivir en el ambiente silvestre de manera que, tanto su crecimiento como su reproducción, dependen del

cuidado humano. No obstante, los cultivos presentan grados de domesticación que varían dentro y entre especies. Algunas especies como *Capsicum pubescens*, han perdido completamente su capacidad de dispersión y ocurren únicamente como cultivos, así pues se puede decir que están completamente domesticadas. Por otra parte, otras plantas que se encuentran tanto en cultivo como silvestres y pertenecen a la misma especie se consideran especies semidomesticadas (Pickersgill, 2007) (*Physalis philadelphica*, *Gossypium hirsutum*). Así, el término ‘domesticado’ puede describir una especie completa, o sólo algunas variantes dentro de la misma (Pickersgill, 2007).

Inicialmente, cuando Vavilov (1994 [1931]) analizó el papel de Mesoamérica como un centro de origen de plantas cultivadas (centro de domesticación en el sentido de este documento), consideró una serie de pasos como clave para determinar la localización geográfica del origen de una planta cultivada, los cuales están contenidos en su *Método Diferencial Geográfico y Botánico* (Vavilov, 1926):

1. Caracterización estricta de las plantas estudiadas por especies y grupos genéticos por medio de varias disciplinas como morfología, taxonomía, de hibridación, citología, parasitología, entre otras.
2. Delimitación de las áreas de distribución de estos taxa y si es posible de su distribución en el pasado.
3. Determinación detallada de la composición de variedades y razas de cada especie y un sistema general de variación hereditaria dentro de los límites de diferentes especies.
4. Establecimiento de la distribución de la variabilidad hereditaria de las formas de una especie determinada en diferentes regiones y áreas, y el establecimiento geográfico de los centros donde está concentrada. Las áreas que presentan mayor diversidad, incluyendo usualmente un número de taxa y caracteres endémicos, pueden ser también centros de origen.
5. Para una definición más precisa del centro de origen es necesario también el establecimiento geográfico de los centros de concentración de especies que están genéticamente relacionadas.
6. Finalmente, el establecimiento de áreas de diversidad de las especies y variedades silvestres que están cercanamente emparentadas con la especie en cuestión debe ser empleado para corregir y complementar el área definida como original cuando el método diferencial para estudiar razas es aplicado a ellas.

Los elementos 5 y 6 de su *Método Diferencial Geográfico y Botánico* hacen referencia a la necesidad de conocer la distribución de las especies silvestres más cercanas a la planta cultivada y la composición de la diversidad específica. Asimismo, Vavilov sostuvo que los centros de domesticación con frecuencia incluyen un gran número de especies endémicas; en los casos en que el endemismo de un grupo dado es antiguo, este alto endemismo puede abarcar no solamente variedades de una especie o algunas especies endémicas, sino que se puede presentar un endemismo elevado en los géneros completos de plantas cultivadas (Vavilov, 1926, 1994 [1931]). Este aspecto pone de relieve la importancia del concepto biogeográfico de *centro de diversidad*, como las zonas geográficas en las que la especiación ha ocurrido con mayor intensidad, en ocasiones identificadas como áreas de endemismo (Morrone & Crisci, 1995). Las zonas de mayor endemismo y que además concentran una diversidad importante de un linaje, fueron sostenidas desde la época Vavilov (1926, 1994 [1931]) como áreas con mayor probabilidad de haber originado a las variedades y especies cultivadas de dicho linaje.

Finalmente, desde la época de Vavilov, pero también en estudios recientes, ha sido fehaciente la utilidad de los registros arqueológicos, antropológicos y lingüísticos en la comprensión del proceso de domesticación (Vavilov, 1926, 1994 [1931]; Doebley, 2006; Casas et al., 2007; Pickersgill, 2007).

Estudios recientes, tanto desde la etnobotánica como desde la genética de la domesticación, han aportado más elementos para comprender el proceso de domesticación. Para el caso de México, se ha propuesto que a partir de la diversidad de plantas que se encuentran normalmente en estado silvestre los pueblos indígenas de México han aprovechado plantas hasta domesticarlas siguiendo las siguientes fases: a) Recolección sistemática de los frutos; b) Conservación sistemática del hábitat donde crecen; c) Promoción del crecimiento de las plantas; d) Protección de la planta y eliminación sistemática de los competidores y depredadores de la misma (Caballero *et al.*, 1998; Casas *et al.*, 2007). Históricamente, fue después de procesos de este tipo que habría comenzado el cultivo propiamente dicho de las plantas, y es entonces cuando se puede observar el desarrollo de los caracteres del síndrome de domesticación planteados por Zohary (1999), relacionados con los cambios en los frutos y semillas y la reducción/pérdida de los síndromes de dispersión.

El papel de la evidencia biogeográfica

Históricamente, este cuerpo de evidencia ha sido importante en tanto que fue uno de los elementos que Vavilov tuvo al alcance para plantear su teoría inicial sobre Centros de Origen. En este sentido es importante distinguir que los *centros de diversidad* en el sentido de la biogeografía son un elemento muy importante, aunque no sinónimo, para el establecimiento de los centros de domesticación de las plantas cultivadas. Diríamos pues que los centros de domesticación de las plantas cultivadas se encuentran asociados muchas veces a centros de diversidad biogeográfica de los linajes a los que pertenecen, pues allí, la humanidad habría tenido una mayor diversidad de especies a partir de las cuales llevar a cabo procesos de cultivo incipiente con “ensayo y error” probando diferentes plantas y abandonando su uso y cultivo cuando éste no resultaba conveniente. En las plantas que han sido domesticadas recientemente o bien, que se presentan también en estado silvestre, la distribución de sus parientes silvestres es un elemento que en sí mismo aporta evidencia para ubicar la región donde han sido domesticadas.

El área de distribución potencial de una especie

Los modelos de distribución de especies tienen un amplio campo de aplicación y han sido empleados para evaluar la amenaza potencial de ciertas plagas o especies invasivas, para obtener conocimiento sobre la biología y biogeografía de las especies y para identificar zonas relevantes para especies amenazadas o para predecir biodiversidad para priorizar áreas para conservación y para establecer locaciones adecuadas para la translocación de especies o cultivos. Además, los modelos de distribución de especies son actualmente el único medio por el cual es posible evaluar la magnitud potencial de los cambios en la distribución de múltiples especies a causa del cambio climático (Beaumont *et al.*, 2005).

La predicción de distribuciones actuales o futuras se ha realizado principalmente siguiendo modelos bioclimáticos que asumen que el clima, al final, es el factor que restringe la distribución de las especies. Estos modelos resumen un número de variables climáticas dentro del intervalo de distribución conocido para una especie dada, generando así una ‘cobertura bioclimática’. Así, los modelos pueden ser empleados para (a) identificar la distribución potencial actual de una especie, es decir, todas las áreas con valores climáticos dentro de la cobertura bioclimática de la especie y (b) evaluar si estas áreas se mantendrán climáticamente adecuadas bajo escenarios climáticos futuros (Beaumont *et al.*, 2005).

El modelaje del espacio climático tiene su fundamento en la teoría del nicho ecológico. Hutchinson definió el nicho ecológico fundamental como aquellas condiciones ambientales en las cuales una especie puede sobrevivir y crecer. Éste podría completamente definir las propiedades ecológicas de una especie: un espacio conceptual cuyos ejes incluyen todas las variables ambientales que la afectan. Por ello, se puede entender al espacio climático o cobertura bioclimática como los componentes climáticos que constituyen al nicho ecológico fundamental o bien, ‘el nicho climático’ (Pearson y Dawson, 2003).

Los modelos bioclimáticos, a pesar de ser criticados por excluir las interacciones bióticas y los escenarios de dispersión, constituyen una herramienta vital en la evaluación de distribuciones potenciales y son ‘filtros’ muy útiles en la identificación de localidades y especies que pueden estar en un riesgo importante debido al cambio climático (Pearson y Dawson, 2003; Beaumont *et al.*, 2005).

En el marco de la recopilación de información acerca de los centros de origen y diversidad de *Persea americana*, la generación de modelos de distribución potencial es relevante en la medida en que ésta se base en el empleo de puntos de colecta provenientes de plantas en estado silvestre o semi-silvestre. A partir de este tipo de información, la distribución modelada puede dar elementos para ubicar las regiones geográficas donde las poblaciones silvestres del género *Persea* habrían sido sujetas a domesticación por los seres humanos, pues es allí donde se distribuyen las poblaciones naturales de un cultivo o sus parientes silvestres donde se pudo dar la domesticación.

Área geográfica: México

Técnicas y métodos

El trabajo documental consistirá en recopilar y revisar la información relevante acerca de *Persea americana* y sus parientes más próximos en la literatura científica. El énfasis se pondrá en recabar información sobre tres áreas principales:

- 1) Las relaciones filogenéticas al interior del género *Persea* y su relación con otros grupos de lauráceas.
- 2) La biogeografía del género.

3) La biología reproductiva del género.

Se consultarán las bases de datos de CONABIO (Red Mundial para la Biodiversidad (REMIB), el Sistema Nacional de Información sobre Biodiversidad (SNIB) y el Sistema de Información de Organismos Vivos Modificados, (SIOVM). A partir de esta información se visitarán los herbarios sede de los registros de *Persea americana* y sus sinónimos *P. gratissima*, *P. gigantea* y *P. nubigena* para determinar cuáles de estos registros corresponden a la distribución silvestre del aguacate. Se contará con el apoyo del Dr. Francisco Lorea para incorporar el criterio de un experto para juzgar la confiabilidad y validez de los registros de herbario.

De la base de datos GenBank se obtendrán secuencias del género *Persea*, correspondientes a las reconstrucciones filogenéticas ya elaboradas.

A partir de la literatura científica, de las bases de datos de CONABIO y de los datos proporcionados por algunos investigadores:

1) Se revisará la diversidad taxonómica del Género *Persea* en México, tanto a partir de la consulta de las bases de datos mencionadas como de la consulta de los herbarios del Instituto de Biología de la UNAM (MEXU), de la Universidad de Guadalajara (GUADA), y del instituto de Ecología de Xalapa A.C. (XAL). El objetivo de esta sección será el de ubicar qué registros corresponden son confiables y corresponden a poblaciones presumiblemente naturales del género.

2) Se analizarán los alcances de la información ya disponible, derivada del uso de diferentes marcadores moleculares en diferentes especies del género *Persea* afines a *P. americana* (el gen *matK*, y los espaciadores *psbA-trnH* y *trnL-trnF*; de cloroplasto; así como los genes nucleares: cinasa serina-treonina, *STK*; chalcona sintasa, *CHS*; flavanona-3-hidroxilasa, *F3H* y endo-1,4-D-glucanasa) para los cuales ya hay datos publicados, tanto en estudios evolutivos (p. ej. Davis *et al.*, 1998; Campos-Rojas *et al.*, 2007; Chen *et al.*, 2009), como en estudios enfocados a caracterizar la diversidad genética desde un punto de vista agronómico (p.ej. Gutiérrez-Díez *et al.*, 2009). A partir de esto, se buscará tener una panorámica de la evolución del género en México. Esta información serviría de base para proponer posibles estrategias para aproximarse a la investigación del origen de *Persea americana*. En tanto se trata de un trabajo de

recopilación de información y no para generar información nueva propiamente dicha, esta información se utilizará para señalar el estado actual del conocimiento acerca de las relaciones filogenéticas y/o filogeográficas dentro del grupo de interés; adicionalmente evaluaremos, a partir de la variabilidad mostrada en los marcadores moleculares disponibles y del grado de resolución que se ha alcanzado en estudios filogenéticos previos, la factibilidad de que estas herramientas pudiesen arrojar información adicional sobre el origen y domesticación de *Persea americana* en **estudios posteriores**.

En este contexto se revisará la información existente sobre la biogeografía del género *Persea*, atendiendo, hasta donde ésta exista, aquella referente a la porción propiamente Centroamericana de la distribución del subgénero *Persea*.

3) Con el apoyo de CONABIO se elaborarán mapas de distribución para *Persea americana* y sus parientes silvestres más cercanos distribuidos en México (*Persea cinerascens* S.F. Blake, *P. liebmanni* Mez, *P. pallescens* [Mez] Lorea-Hernández y *P. rufescens* Lundell, entre otros). Estos mapas servirán para identificar zonas de riqueza de especies de este género así como para conocer la distribución de las variedades locales de *Persea americana* cultivadas en el país. Asimismo, esta etapa aportará algunos elementos para evaluar qué zonas tienen mayor posibilidad de intercambio genético con parientes silvestres y permitirá hacer una primera aproximación al conocimiento de la distribución.

Para realizar los mapas de la distribución potencial se empleará el programa GARP (*Genetic Algorithm for Rule-set Production*). Éste utiliza un algoritmo genético que crea un modelo del nicho ecológico de una especie, el cual representa las condiciones ambientales donde esa especie podría ser capaz de mantener poblaciones. GARP procura encontrar correlaciones no aleatorias entre la presencia y la ausencia de las especies y los valores de los parámetros ambientales empleando diversos tipos de reglas (atómico, regresión logística, cobertura bioclimática y cobertura bioclimática negada). Cada tipo de regla implementa un método diferente para construir los modelos de predicción de especies (Scachetti-Pereira, 2001). Para generar los mapas, en GARP se trabajará con las variables bioclimáticas (Bioclim) de WorldClim. Las variables o coberturas bioclimáticas se derivan de valores mensuales de temperatura y precipitación con el propósito de generar variables biológicamente más significativas, particularmente en estudios sobre el modelaje del nicho ecológico. Las variables bioclimáticas representan tendencias anuales, estacionalidad y factores ambientales extremos o

limitantes (Hijmans *et al.*, 2005). Se emplearán aquellas coberturas que contienen condiciones climáticas actuales, representativas del periodo 1950-2000.

Los mapas se construirán con los datos de coordenadas geográficas provenientes de los ejemplares de los distintos herbarios que se visitarán. Se tomarán en cuenta únicamente aquellos registros que estén validados, geográfica y taxonómicamente, por expertos. En los casos en los que las capas de World Clim den información suficiente, se generará la estimación del área de distribución potencial de estas especies incluyendo a Centroamérica.

Dependiendo de la cantidad de puntos de colecta confiables con los que se pueda contar para alimentar los algoritmos de simulación de nicho, y del poder estadístico que estos puedan aportar, se considerará elaborar mapas de área de distribución por variedad de *Persea americana*.

4) Se integrarán los elementos generados en los puntos anteriores para poder evaluar la evidencia disponible que sustente a México como centro de origen y diversidad de *Persea americana*, con particular atención en identificar una o varias regiones del país como posibles sitios de la domesticación de la especie.

Literatura citada

Ashworth, V. E. T. M. y M. T. Clegg. (2003). Microsatellite Markers in Avocado (*Persea americana* Mill.): Genealogical Relationships Among Cultivated Avocado Genotypes. *Journal of Heredity* 94(5):407–415

Beaumont, L. J., Hughes, L., & Poulsen, M. (2005). Predicting species distributions: use of climatic parameters in BIOCLIM and its impact on predictions of species' current and future distributions. *Ecological Modelling*, 186, 250-269.

Bergh B. y N. Ellstrand. (1986). Taxonomy of the Avocado. California Avocado Society 1986 Yearbook 70: 135-146

Caballero J., Casas A., Cortés L. & Mapes C. (1998). Patrones en el conocimiento, uso y manejo de plantas en pueblos indígenas de México. *Revista de Estudios Atacameños* 16: 181–196.

- Campos Rojas E., T. Terrazas y L. López-Mata. (2007). *Persea* (avocados) phylogenetic analysis based on morphological characters: hypothesis of species relationships. *Genetic Resources and Crop Evolution*. 54:249–258
- Casas A., Vázquez M. C., Viveros J. L., Caballero J. 1996. Plant management among the Nahua and the Mixtec from the Balsas River Basin: and ethnobotanical approach to the study of plant domestication. *Human Ecology* 24, 455–478.
- Chen, H., P. L. Morrell, V. E. T. M. Ashworth, M. de la Cruz y M. T. Clegg. (2009). Tracing the Geographic Origins of Major Avocado Cultivars. *Journal of Heredity*. 100(1): 56-65
- Davis, J., D. Henderson, M. Kobayashi y M. T. Clegg. (1998). Genealogical relationships among cultivated avocado as revealed through RFLP analyses. *The Journal of Heredity* 89: 319-323.
- Doebley J.F., Gaut B. S. & Smith B.D. (2006) The Molecular Genetics of Crop Domestication. *Cell*, **127**, 1309-1321.
- Galindo-Tovar M. E., Arzate-Fernández A.M., Ogata-Aguilar N. & Landero-Torres I. (2007). The avocado (*Persea americana*, Lauraceae) crop in Mesoamerica: 10 000 years of history. *Harvard Papers in Botany*, **12**, 325:334.
- Gómez-Campo, C. (Editor). (1999). *Biology of Brassica Coenospecies*, Volume 4 (Developments in Plant Genetics and Breeding). Elsevier
- Gutierrez-Diez A., J. Martínez-De la Cerda, E. A. García-Zambrano, L. Iracheta-Donjuan, J. D. Ocampo-Morales & Cerdahurtado. I.M. 2009. Estudio de la diversidad genética del aguacate nativo en Nuevo León, México. *Revista de Fitotecnia Mexicana*. 32: 9-18.
- Hijmans, R.J., S.E. Cameron, J.L. Parra, P.G. Jones and A. Jarvis (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology* 25: 1965-1978.

Lorea-Hernández, F. G. (2002). La familia Lauraceae en el sur de México: diversidad, distribución y estado de conservación. *Boletín de la Sociedad Botánica de México* 71: 59-70.

Morrone J. J. & Crisci J. J. (1995) Historical Biogeography: introduction to methods. *Annual review of ecology and systematics* 373-401.

Pearson, R. G., & Dawson, T. P. (2003). Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful? *Ecology*, 361- 371.

Pickersgill, B. (2007). Domestication of Plants in the Americas: Insights from Mendelian and Molecular Genetics. *Annals of Botany*, 100(5): 925-940.

Rohwer, J. G. (1993) Lauraceae. *En: K. Kubitzki, J. Rohwer & V. Bittrich (eds.), The families and genera of vascular plants II*. Springer-Verlag, Berlin. pp. 366-391. 1993.

Scachetti-Pereira, R. (2001): Desktop GARP.

<http://www.nhm.ku.edu/desktopgarp/index.html>. (Consulta: Agosto, 2010).

Sánchez-Pérez, J. L. (1999). Recursos genéticos de aguacate (*Persea americana* Mill.) y especies afines en México. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 5: 7-18

Vavilov, N. I. (1926). Studies on the origin and evolution of cultivated plants. *Inst. Appl. Bot. Plant Breed*. Leningrad.

Vavilov N. I. (1994 [1931]) México y Centroamérica como centro básico de origen de las plantas del nuevo mundo. *Revista de Geografía Agrícola*, 20, 15-34, 1994. Publicación original: Vavilov N. I. (1931) *Boletín de Botánica Aplicada, Genética y Fitomejoramiento (URSS)*, **26**.

Zohary D. (1999) Monophyletic vs. polyphyletic origin of the crops on which agriculture was founded in the Near East. *Genetic Resources and Crop Evolution* **46**, 133–142.

Van der Werff, H. (2002). A synopsis of Persea (Lauraceae) in Central America. Novon 12: 575-86.

Indicadores de éxito

Los indicadores de éxito corresponderán a los 5 informes, cuatro parciales y uno final, los cuales contendrán los resultados y productos descritos arriba y se entregarán como se explica a continuación:

Indicadores	1° Informe Parcial	2° Informe Parcial	3° Informe Parcial	4° Informe Parcial	Informe Final
Documento 1	15%				
Documento 2		15%			
Documento 3			20%		
Documento 4			20%		
Documento 5				10%	
Documento 6					10%
Documento 7					10%
Avance Total	15%	30%	70%	80%	100%

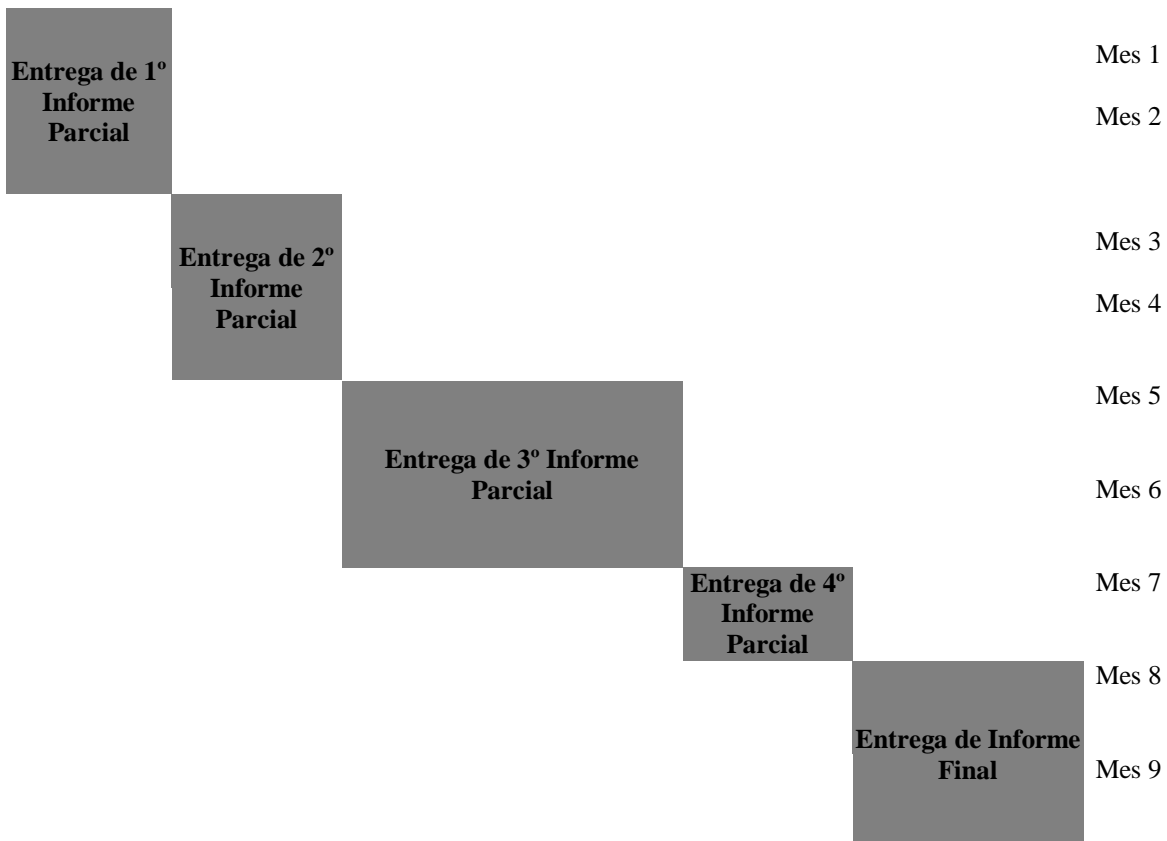
Duración del proyecto:

Se contempla realizar el proyecto en 9 meses, entregando 4 informes parciales y un informe final.

Programa de trabajo:

- Primer informe parcial: Contendrá el documento 1.
- Segundo informe parcial: Contendrá el documento 2.
- Tercer informe parcial: Contendrá los documentos 3 y 4
- Cuarto informe parcial: Contendrá el documento 5
- Informe final: Contendrá los documentos 6 y 7 tomando como base lo expresado en los informes anteriores, integrando así el estado actual del conocimiento sobre el origen y diversidad de *Persea americana*.

Revisión de taxonomía, filogenia y biogeografía	Revisión de biología reproductiva y ecología	Mapa de distribución potencial de <i>P. americana</i> y reporte de visitas a herbarios	Mapas de distribución potencial de <i>Persea steyermarkii</i> , <i>Persea schiedeana</i> , <i>Persea floccosa</i> , <i>Persea cinerascens</i>	Evidencia científica que permiten sostener a México como Centro de origen, domesticación y/o diversidad para <i>Persea americana</i>	Síntesis y análisis de la información recopilada durante todo el proyecto. Conclusiones, perspectivas y recomendaciones finales.	Meses
---	--	--	---	--	--	-------



Anexo 2

- **Presupuesto**

Se solicita presupuesto para cubrir el salario de los responsables del proyecto durante la duración del mismo; también se cubrirán gastos de viáticos necesarios para visitar herbarios nacionales. Se solicita un total de \$ 200,000.00 M.N., repartido en seis pagos: un pago inicial que cubrirá los gastos de viáticos y viajes para realizar las visitas a los herbarios, cuatro pagos a saldarse al entregar los informes parciales y un último pago al entregar el informe final.

PRESUPUESTO DESGLOSADO:

1. HONORARIOS

Nivel	Nombre/cargo	Honorarios mensuales	Duración / meses	Honorarios total	Dedicación
Dr	Daniel Piñero: Responsable Técnico (participa en todo el proyecto)	0	9	0	Tiempo completo
Candidato a Dr en C. biomédicas	Lev Jardón: Responsable Técnico (participa en todo el proyecto)	5000	9	45000	Medio tiempo
Dr	Michael T. Clegg	0	9	0	Medio tiempo
Biol.	Valeria Alavez: Responsable Técnico (participa en todo el proyecto)	4900	9	44100	Medio tiempo
M- en C.	Ana Wegier: participa en todo el proyecto	4900	9	44100	Medio tiempo
Biol.	Ayudante general	4200	9	37800	Medio tiempo
	Total Honorarios			171,000	

2. EQUIPO Y MOBILIARIO (cómputo, materiales de laboratorio, etc.)*

	0
SUBTOTAL	0

*Anexar a la propuesta 3 cotizaciones del equipo

3. VIÁTICOS Y VIAJES (hospedaje, alimentación, transporte)

Vista a herbarios del interior de la República Mexicana y contacto con otros investigadores.	\$29 000
SUBTOTAL	\$29 000

PRESUPUESTO GLOBAL:

<i>Rubro</i>	<i>Monto total (M.N.)</i>
1.- Honorarios	\$ 171, 000
2.- Equipo y mobiliario	
3.- Viáticos y viajes	\$29, 000
4.- Otros	
TOTAL	200,000

Indicadores de éxito

Fecha	Monto solicitado	Indicador de éxito a entregar
Pago Inicial	\$ 29 000.00 M.N.	-
A los 2 meses	\$ 38 000. 00 M.N.	Primer Informe Parcial
A los 4 meses	\$38 000. 00 M. N.	Segundo Informe Parcial
A los 6 meses	\$ 38 000. 00 M.N.	Tercer Informe Parcial
A los 8 meses	\$ 19 000. 00 M. N.	Cuarto Informe Parcial
A los 9 meses	\$ 38 000.00 M.N	Informe Final

Anexo 3

Contenido de los productos a entregar

- 1) Primer Informe Parcial: Al término del segundo mes desde el inicio del proyecto se entregará el documento 1. El primer documento cubrirá los objetivos de: a) Recabar la información existente en la literatura científica acerca de la evolución de *Persea americana*, con particular atención a las poblaciones silvestres de esta especie, revisar la diversidad taxonómica del género *Persea* en México y sus relaciones filogenéticas y b) Recabar el conocimiento biogeográfico actual sobre este grupo, que permita aproximarse a conocer sus centros de origen y diversidad. Esta primera fase corresponderá al 15% de avance del proyecto.

- 2) Segundo Informe Parcial. Al término del cuarto mes desde el inicio del proyecto se entregará el documento 2. Este segundo documento contendrá la revisión de la información existente sobre la ecología y la biología reproductiva de *Persea americana*. Esta segunda fase corresponderá a un 30% del proyecto.

- 3) Tercer Informe Parcial: Al término del sexto mes del proyecto se entregarán los documentos 3 y 4. El documento 3 cubrirá la primera parte del objetivo particular de aportar elementos útiles para la conservación de la diversidad de este género, pues se generará un primer mapa de distribución potencial para *Persea americana*. Además se entregará un reporte de los herbarios visitados y de los ejemplares revisados. En el documento 4 se entregarán mapas de distribución potencial de parientes cercanos a *Persea americana* (*Persea schiedeana* Nees, *Persea cinerascens* S.F. Blake, *P. pallescens* (Mez) Lorea-Hernández). Con esto el avance del proyecto será de aproximadamente 70 %.

- 4) Cuarto Informe Parcial: Al término del séptimo mes del proyecto se entregará el documento 5. El documento 5 corresponderá a un análisis crítico de los elementos de la evidencia científica actual que permiten sostener a México como Centro de origen, domesticación y/o diversidad para *Persea americana*. En este mismo documento se incluirán algunas recomendaciones y elementos a considerar para la

mejor conservación de la diversidad de este cultivo a partir de lo que se conoce de él. Este primer balance implicará un avance del 80% en el proyecto.

- 5) Informe Final: Al término del noveno mes del proyecto se entregarán los documentos 6 y 7. El documento 6 planteará algunas áreas en las que se ubique que hace falta profundizar en el estudio de *Persea americana* y que resulten de relevancia para la determinación de sus centros de origen y diversidad. El documento 7 sintetizará toda la información recabada a lo largo del proyecto y la analizará críticamente. Con ello se habrá cubierto el objetivo general del proyecto, proporcionar elementos sobre la especie *Persea americana* para la determinación de centros de origen y centros de diversidad genética con base a lo establecido en el artículo 86 de la Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados. Con esto se cubrirá el 100% del proyecto.