



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

**DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA
COORDINACION DE ESTUDIOS DE POSGRADO**

**CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA,
MOLECULAR Y POSTCOSECHA DE MAMEY
[*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN
CUETZALA DEL PROGRESO, MÉXICO**

TESIS

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL PARA OBTENER EL
GRADO DE:

MAESTRO EN CIENCIAS EN HORTICULTURA

Presenta:

JANIO RICARDO OCHOA BAHENA

Bajo la supervisión de: Dr. Juan Martínez Solís



APROBADA



Chapingo, Estado de México, diciembre 2023

**CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA, MOLECULAR Y POSTCOSECHA DE
MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL
PROGRESO, MÉXICO**

Tesis realizada por **Janio Ricardo Ochoa Bahena** bajo la supervisión del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN HORTICULTURA

DIRECTOR: _____



Dr. JUAN MARTÍNEZ SOLÍS

CODIRECTOR: _____



Dra. MA TERESA MARTÍNEZ DAMIÁN

ASESOR: _____



Dra. MARGARITA GISELA PEÑA ORTEGA

ASESOR: _____



Dr. JOSÉ FRANCISCO DÍAZ NÁJERA

CONTENIDO

ÍNDICE DE CUADROS	v
ÍNDICE DE FIGURAS	vi
DEDICATORIA	vii
AGRADECIMIENTOS	viii
DATOS BIOGRÁFICOS	ix
RESUMEN GENERAL	x
GENERAL <i>ABSTRACT</i>	xi
I. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
1.1. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	3
1.2. JUSTIFICACIÓN	4
1.3. OBJETIVOS GENERALES	5
1.3.1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	5
1.4. HIPÓTESIS	5
II. REVISIÓN DE LITERATURA	6
2.1. Importancia del cultivo	6
2.2. Producción mundial, nacional y estatal	6
2.3. Origen y distribución	7
2.4. Taxonomía	8
2.5. Morfología	8
2.6. Variabilidad genética	10
2.7. Marcadores genéticos	10
2.7.1. Marcadores morfológicos	11
2.7.2. Marcadores moleculares	11
2.7.3. Marcadores bioquímicos	14
2.8. Importancia de la caracterización morfológica en mamey	14
2.9. Importancia de la caracterización molecular en mamey	15
2.10. Importancia de postcosecha en mamey	15
2.11. Literatura citada	16
CAPÍTULO 3. CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE FRUTOS DE MAMEY [<i>Pouteria sapota</i> (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL PROGRESO, MÉXICO	22
3.1. RESUMEN	22

3.2.	ABSTRACT	23
3.3.	INTRODUCCIÓN	24
3.4.	MATERIALES Y MÉTODOS	25
3.4.1.	Sitio del muestreo.....	25
3.4.2.	Localización del sitio experimental.....	25
3.4.3.	Material Experimental.....	25
3.4.4.	Variables de estudio.....	26
3.4.5.	Análisis estadístico	28
3.5.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	29
3.6.	CONCLUSIONES	33
3.7.	LITERATURA CITADA.....	34
CAPÍTULO 4. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MAMEY [<i>Pouteria sapota</i> (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL PROGRESO, MÉXICO		37
4.1.	RESUMEN	37
4.2.	ABSTRACT	38
4.3.	INTRODUCCIÓN	39
4.4.	MATERIALES Y MÉTODOS	40
4.4.1.	Localización del área experimental.....	40
4.4.2.	Material Experimental.....	40
4.4.3.	Extracción de ADN	40
4.4.4.	Fenolización	41
4.4.5.	Cuantificación del ADN	42
4.4.6.	Pruebas de calidad.....	42
4.4.7.	PCR y Electroforesis	43
4.4.8.	Análisis Estadístico.....	45
4.5.	RESULTADOS Y DISCUSIÓN	45
4.5.1.	Análisis de agrupamiento	45
4.5.2.	Análisis de coordenadas principales.....	47
4.5.3.	Análisis molecular de varianza.....	48
4.5.4.	Descriptiva de marcadores.....	49
4.6.	CONCLUSIONES	53
4.7.	LITERATURA CITADA.....	54

CAPÍTULO 5. CALIDAD POSCOSECHA DE 29 COLECTAS DE MAMEY [<i>Pouteria sapota</i> (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL PROGRESO, GUERRERO, MÉXICO	56
5.1. RESUMEN	56
5.2. ABSTRACT	57
5.3. INTRODUCCIÓN	58
5.4. MATERIALES Y MÉTODOS	59
5.4.1. Sitio del muestreo.....	59
5.4.2. Localización del sitio experimental.....	59
5.4.3. Material Experimental.....	59
5.4.4. Variables de estudio	59
5.4.5. Variables Bioquímicas	59
5.4.6. Variables fisiológicas	60
5.4.7. Variables biofísicas	61
5.4.8. Análisis sensorial	61
5.4.9. Análisis estadístico	61
5.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	62
5.5.1. Análisis de agrupamiento	62
5.5.2. Análisis discriminante.....	63
5.5.3. Análisis de varianza	64
5.5.4. Descripción de grupos.....	65
5.5.5. Calidad físico-química de fruto	66
5.5.6. Calidad sensorial del fruto.....	69
5.6. CONCLUSIONES	71
5.7. LITERATURA CITADA.....	72

ÍNDICE DE CUADROS

	Pag.
CAPÍTULO II	
Cuadro 1. Clasificación taxonómica del mamey.....	8
CAPÍTULO III	
Cuadro 1. Identificación de 29 árboles de mamey del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero.....	26
Cuadro 2. Vectores propios y funciones discriminantes de tres grupos de mamey definidos con caracteres morfológicos de sus frutos.....	30
Cuadro 3. Grupos de las colectas de mamey derivados a través de las características morfológicas, bajo la aplicación del análisis multivariado de agrupamiento y discriminante.....	31
CAPÍTULO IV	
Cuadro 1. Valores de pureza de ADN (absorbancia a 280 nm y 260 nm)	42
Cuadro 2. Componentes de la mezcla de reacción en cadena de la Taq ADN polimerasa (PCR) para el gen endógeno 16S.....	42
Cuadro 3. Secuencia de alineamiento y temperatura de los ISSR.....	43
Cuadro 4. Componentes de la mezcla para PCR.....	44
Cuadro 5. Análisis molecular de varianza de 29 colectas de mamey en base a sus perfiles moleculares ISSRs.....	49
Cuadro 6. Bandas polimórficas, monomórficas, totales, proporción de loci polimórficos, contenido de información polimórfica, error estándar, porcentaje de amplificación y probabilidad de que dos individuos compartan el mismo alelo por azar obtenidos con catorce iniciadores ISSRs en 29 colectas de mamey.....	50
CAPÍTULO V	
Cuadro 1. Vectores propios y funciones discriminantes de cuatro grupos de mamey definidos con caracteres de calidad de fruto.....	63
Cuadro 2. Grupos de las colectas es de mamey mediante variables de calidad, utilizando análisis multivariado de agrupamiento y discriminante.....	65
Cuadro 3. Comparación de medias de 17 caracteres evaluados en 29 colectas de mamey en Cuetzala del Progreso, Guerrero.....	66

ÍNDICE DE FIGURAS

	Pag.
CAPÍTULO II	
Figura 1. Estados productores de mamey en México (SIAP, 2023)	6
Figura 2. Municipios productores de mamey en el estado de Guerrero (SIAP, 2023)	7
CAPÍTULO III	
Figura 1. Dendrograma jerárquico de caracteres morfológicos de 29 selecciones de mamey, derivado de distancias euclidianas y algoritmo de mínima varianza de Ward. G: <i>Genotipos</i>	29
Figura 2. Grafica representativa de las variables discriminantes (VD1 y VD2) de tres grupos de colectas de mamey acorde a sus caracteres morfológicos.....	32
CAPÍTULO IV	
Figura 1. Dendrograma de 29 colectas de mamey obtenido con la distancia genética de Jaccard (1-S) mediante el método de varianza mínima de Ward.....	46
Figura 2. Análisis de coordenadas principales de 29 UBCs de mamey del estado de Guerrero.....	48
CAPÍTULO V	
Figura 1. Dendrograma jerárquico de 29 colectas de mamey, derivado de distancias euclidianas y algoritmo de mínima varianza de Ward. G: <i>Genotipos</i>	62
Figura 2. Representación gráfica de variables discriminantes (VD1 y VD2) de cuatro grupos de colectas de mamey de acuerdo con variables de calidad de fruto. G: <i>Genotipos</i>	64

DEDICATORIA

A **Dios**, por permitirme llegar a este momento tan importante de mi vida.

A mi esposa **Ricarda Quezada Vergara**, y a mi hija **Jana Ochoa Quezada** por formar parte importante de vida y por compartir conmigo alegrías y dificultades.

A mi **madre Matilde Bahena Vega**, por darme la vida y el apoyo brindado durante mi estancia en la maestría.

A mis **hermanas**, por compartir momentos inolvidables de mi vida.

A mi abuela†, **Aldengunda Vega Laguna**, por ser una persona ejemplar, de quien tome el ejemplo por el amor al campo.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Humanidades Ciencia y Tecnología (CONAHCYT) por otorgarme el soporte económico para realización mi maestría.

A la Universidad Autónoma Chapingo al otorgarme la oportunidad de llevar a cabo mi maestría en ciencias en horticultura.

Al Dr. Juan Martínez Solís, por el tiempo al servicio de la elaboración de la tesis y por su disponibilidad para dirigir este trabajo.

A la Dra. María Teresa Martínez Damián por su colaboración en la revisión del presente trabajo y por los consejos para la elaboración correcta de la tesis.

A la Dra. Margarita Gisela Pena Ortega por apoyarme en la revisión y redacción de la tesis.

Al Dr. José Francisco Díaz Nájera por el apoyo en los análisis correspondientes, así como también el apoyo brindado en observaciones y revisión a este trabajo.

Al técnico del laboratorio, Q.F.B. Ricardo Gaspar Hernández, por su gran apoyo y asesoría en la realización del trabajo de laboratorio de este trabajo.

A la Lic. Itzel Nayelli Silvestre González, por su apoyo en el trabajo de laboratorio.

A mis profesores del posgrado por las enseñanzas brindadas.

DATOS BIOGRÁFICOS

Datos.

Nombre: Janio Ricardo Ochoa Bahena.

Fecha de nacimiento: 20 de diciembre de 1995.

Profesión: Ingeniero Agrónomo Fitotecnista.

Cedula Profesional: 11974021.



Desarrollo académico.

Medio superior: Colegio de bachilleres plantel por cooperación Cuetzala del Progreso, Guerrero (2011-2014).

Grado superior: Colegio Superior Agropecuario del Estado de Guerrero, (2014-2019).

Posgrado (maestría): Universidad Autónoma Chapingo (2022-2023).

RESUMEN GENERAL

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA, MOLECULAR Y POSTCOSECHA DE MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL PROGRESO, MÉXICO

El mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] tiene alto potencial para explotación comercial; sin embargo, a la fecha las plantaciones del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, se caracterizan por tener árboles criollos, cuya disseminación ha sido principalmente por semilla, generando así una amplia diversidad genética, misma que se observa entre árboles y frutos de un mismo árbol, convirtiéndose es un recurso fitogenético que se necesita caracterizar, conservar y aprovechar. Por lo anterior, el objetivo de la presente investigación fue realizar una caracterización morfológica, molecular y de calidad poscosecha de 29 colectas de mamey de Cuetzala del Progreso, Guerrero, para identificar las de mejores características de fruto. Mediante análisis multivariado de agrupamiento en la caracterización morfológica y calidad de poscosecha se identificaron tres y cuatro agrupaciones de colectas, respectivamente; mismas que se corroboraron bajo un análisis discriminante, descubriendo que dichas agrupaciones se fundaron principalmente en características relativas pertenecientes a calidad física y hedónica para el caso de los caracteres morfológicos, y bioquímica, fisiológica y sensorial para valores de poscosecha. En cuanto a la caracterización molecular, el análisis de agrupamiento mediante la varianza mínima de Ward permitió identificar tres grupos asociados con las formas del fruto. Los iniciadores que más bandas amplificaron fueron LOL2, ISSR1, UBC822, y UBC847. Sin embargo, los marcadores con mayor contenido de información polimórfica fueron ISSR7, UBC848, 17898B, PIO4, UBC815 y UBC841. Asimismo, los iniciadores ISSR7, UBC848, 1789A y UBC815 fueron los que mostraron un mayor grado de confiabilidad en la diferenciación genética entre accesiones de mamey. Finalmente, se observó que las accesiones “M-5”, “M-10”, “D-15”, “D-17”, “G-19” y “N-20”, así como la colecta “J-14”, poseen atributos potenciales para ser aprovechados en un programa de mejoramiento genético.

Palabras claves: Análisis multivariado, Calidad Poscosecha, Marcadores moleculares, Variabilidad.

GENERAL ABSTRACT
MORPHOLOGICAL, MOLECULAR AND POSTHARVEST CHARACTERIZATION
OF MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] IN CUETZALA DEL
PROGRESO, MEXICO

The mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] has high potential for commercial exploitation; however, to date the plantations in the county of Cuetzala del Progreso, Guerrero, are characterized by having native trees, whose dissemination has been mainly by seed generating as a result a wide genetic diversity, which is observed between trees and fruits from the same tree, becoming a phylogenetic resource that needs to be characterized, conserved and used. Therefore, the aim of this research was to carry out a morphological, molecular, and postharvest quality characterization of 29 mamey accessions from Cuetzala del Progreso, Guerrero, to identify those with the best fruit characteristics. Through multivariate analysis of clustering in morphological characterization and postharvest quality, three and four groups of collections were identified, respectively; same that were corroborated under a discriminant analysis, discovering that these groupings were based mainly on relative characteristics belonging to physical and hedonic quality in the case of morphological characters, and biochemical, physiological and sensory for postharvest values. Regarding the molecular characterization, the clustering analysis using Ward's minimum variance identified three groups associated with the shapes of the fruit. The primers that amplified the most bands were LOL2, ISSR1, UBC822, and UBC847. However, the markers with the highest content of polymorphic information were ISSR7, UBC848, 17898B, PIO4, UBC815 and UBC841. Likewise, the primers ISSR7, UBC848, 1789A and UBC815 were those that showed a higher degree of reliability in the genetic differentiation between mamey accessions. Finally, it was observed that the accessions "M-5", "M-10", "D-15", "D-17", "G-19" and "N-20", as well as the collection "J- 14", have potential attributes to be used in a genetic improvement program.

Key words: Multivariate analysis, Postharvest Quality, Molecular markers, Variability.

Thesis in Horticultural Sciences, Universidad Autónoma Chapingo
Author: Janio Ricardo Ochoa Bahena
Advisor: Dr. Juan Martínez Solís

I. INTRODUCCIÓN GENERAL

El mamey [*Puteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn], es una especie de importancia nutritiva en México y Centroamérica, así como en las diferentes zonas tropicales donde ha sido ingresada (Nava & Ricker, 2004): sin embargo, su explotación y uso sustentable ha sido limitado a consecuencia de sistemas de producción enfocados en pequeños plantíos familiares y colectas agroforestales (Nava & Ricker, 2004).

México es uno de los principales productores de mamey, seguido de Belice, Guatemala, Honduras y Nicaragua (SAGARPA, 2012). La producción nacional se concentra en los estados de Yucatán, Guerrero, Veracruz, Michoacán y Puebla, que aportan el 88.3 % de la producción total (SIAP, 2023). En el año 2022 la superficie sembrada de mamey fue de 1,704.86 hectáreas, con una producción de 23,718.22 toneladas, de las cuales 3,735.64 toneladas corresponden al estado de Guerrero, distribuidas en la Región Montaña, Región Norte y Costa Chica; los principales municipios que destacan en la producción en este estado son Huamuxtitlan, Alpoyeca, Cuetzala del Progreso, Ometepec y San Luis Acatlán (SIAP, 2023).

Esta especie crece en muchas regiones del país y como se ha propagado de manera natural por semilla, es de suponerse que se hayan generado múltiples variaciones (CONAFRUT, 1974), lo que se traduce, a una alta variabilidad genética entre la especie, misma que se observa no sólo entre árboles sino también entre frutos de un mismo árbol, por lo que es un recurso fitogenético que se necesita aprovechar, conocer y conservar, a raíz de su gran potencial económico en las diferentes regiones establecido, considerado opción para la diversificación de la agricultura y desarrollo agroindustrial.

La importancia de la conservación y caracterización de este recurso en el municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, es fundamental para que los mejoradores puedan tener acceso a genes requeridos para hacer frente a la problemática actual y futura del cultivo; además permitiría que los agricultores seleccionen árboles que respondan a sus necesidades particulares o ambientales (Espinoza, 2000). Debido a que la diseminación de esta especie en el municipio ha sido básicamente por semilla, la

variación genética existente presenta materiales con características morfológicas, bioquímicas y agronómicas sobresalientes (Domínguez et al., 2010).

A través de los últimos años se han desarrollado equipos de investigación en diversas dependencias de gobierno en nuestro país, con el propósito de crear información relacionados a su conservación, fisiología, manejo agronómico y postcosecha, y evolución agroindustrial. Es importante destacar que aún existen regiones productoras de mamey en donde no se han hecho selecciones, como es el caso del municipio de Cuetzala del Progreso, donde por mucho tiempo la producción de mamey ha sido fuente de sustento de muchos productores, de ahí la importancia de generar y aportar conocimiento de la diversidad, estructura y relaciones genéticas del mamey, permitiendo identificar y seleccionar aquellos genotipos con las mejores características sobresalientes para la producción comercial.

1.1. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

Entre los problemas que se confrontan en la actualidad a nivel mundial destacan: el calentamiento global, menor cantidad de agua disponible para el consumo humano y la agricultura, contaminación del suelo, agua, aire y alimentos, creciente extinción de especies animales, tala “descontrolada” de árboles y sustracción de plantas (para uso medicinal, alimentación, etc.). Lo anterior trae como consecuencia la disminución de diversidad que incrementó en el número de especies vegetales en peligro de extinción (Espinoza et al., 2012).

Los estudios enfocados en recursos fitogenéticos se han vuelto prioridad en el mundo científico, particularmente en aquellos que han sido poco explorados y con gran potencial comercial, como lo es el mamey (Nuñez-Colín et al., 2004; SIACON, 2004). Las investigaciones enfocadas en la variabilidad genética del cultivo mamey deben ser una actividad prioritaria para su explotación, esto debido al conocimiento obtenido de las tasas de variación, donde sus niveles se proveerá un marco de análisis confiables el cual consentirá establecer prácticas de conservación y desarrollo de variedades con base en los materiales sobresalientes (Azurdia, 2006; Elias et al., 2008; Rodríguez et al., 2012).

En el municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, el estudio de la variabilidad con marcadores de ADN, caracterización morfológica y análisis de postcosecha para el mamey ha sido nulo. Los marcadores moleculares, son en la actualidad una herramienta útil para el estudio de la variabilidad genética. Los ISSR se han utilizado en diferentes estudios y son capaces de generar información de confianza para la exploración de diversidad y variabilidad genética (Rodríguez-Gaytán et al., 2021).

Ante esta problemática es aconsejable realizar una caracterización morfológica, molecular y estudios de postcosecha en aquellos genotipos sobresalientes, con la finalidad de establecer los niveles reales de variación en esta especie, permitiendo crear parámetros que nos ayuden a desarrollar un sistema de producción que certifique el cumplimiento de la demanda en el mercado local, nacional e internacional y así mismo la subsistencia de este recurso genético.

1.2. JUSTIFICACIÓN

Las investigaciones enfocadas en la diversidad y variabilidad genética del cultivo de mamey son fundamentales en la creación de estrategias las cuales nos permiten conocer las diferencias y estructuras de este recurso, y posteriormente a garantizar la conservación y sustentabilidad de la especie (Azurdia, 2006).

El estudio de la diversidad fitogenética considerando características morfológicas, bioquímicas y con marcadores de ADN para el mamey ha sido escaso. No obstante, se ha observado que estudios donde se incorporen ambos tipos de análisis proveerán una mejor descripción e interpretación de la diversidad genética de los individuos (Hillis y Moritz, 1990).

En el municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, el mamey presenta respectivamente escasa atención por parte de los fruticultores, extensionistas y dependencias de gobierno, en parte por la ausencia de investigación que apruebe el desarrollo de variedades con características sobresalientes y que permitan su fácil propagación por técnicas asexuales. Es por ello, que el presente estudio pretende aportar al conocimiento de la diversidad, estructura y relaciones genéticas del mamey, además de características morfológicas y comportamiento de postcosecha de los individuos evaluados.

1.3. OBJETIVOS GENERALES

Caracterizar 29 colectas de mamey con la técnica molecular ISSR y con descriptores morfológicos para conocer su variabilidad genética y obtener recursos que puedan emplearse en futuros programas de mejoramiento genético.

A través de una caracterización poscosecha identificar colectas con las mejores características organolépticas.

1.3.1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

Caracterizar morfológica y molecularmente 29 colectas de mamey de Cuetzala del Progreso, Guerrero, México.

Caracterizar la calidad poscosecha de 29 colectas de mamey.

1.4. HIPÓTESIS

De la población de mamey muestreada en el municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, se obtendrá diversidad genética, y consecuentemente genotipos con características sobresalientes para la producción y para programas de mejoramiento genético.

II. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. Importancia del cultivo

La importancia de la especie *Pouteria sapota* radica principalmente en el valor comercial de sus frutos, como fuente adicional de ingresos para los agricultores debido a la gran aceptación que tiene en el mercado nacional y por la posibilidad de asociarse con cultivos perennes y protección del ambiente (Umañan, 2000; Azurdia, 2006). En la actualidad, se consume como fruta de mesa y su pulpa se usa para preparar bebidas y postres, tales como gelatinas, crema de mamey, helados y pasteles. De las flores se obtiene un aceite esencial y las semillas tienen propiedades medicinales e insecticidas, esto último por tener una composición y efecto similar a las piretrinas (López, 2011); en Trinidad y Tobago extractos de semilla son utilizados como control de ectoparásitos en caninos (Cheryl et al., 2000), y también se derivan aceites los cuales son parte importante en la industria de los cosméticos (Takeda et al., 1997). En México, la población lo utiliza como producto para el cabello (Pennington, 1990).

2.2. Producción mundial, nacional y estatal

México es uno de los principales productores de mamey en el mundo, seguido de Belice, Guatemala, Honduras y Nicaragua. En la actualidad el mamey es cultivado en diferentes países como son EE.UU., Australia, Israel, Filipinas, Vietnam, España, Venezuela, Cuba, Colombia, Ecuador, Jamaica y Brasil (SAGARPA, 2012). La producción nacional registrada en el año 2022 fue 23,718.22 toneladas, con una superficie sembrada de 1,704.86 hectáreas, en la cual destacan los estados de Yucatán, Guerrero, Veracruz, Michoacán y Puebla, aportando el 88.3 % de la producción nacional (Figura 1) (SIAP, 2023).

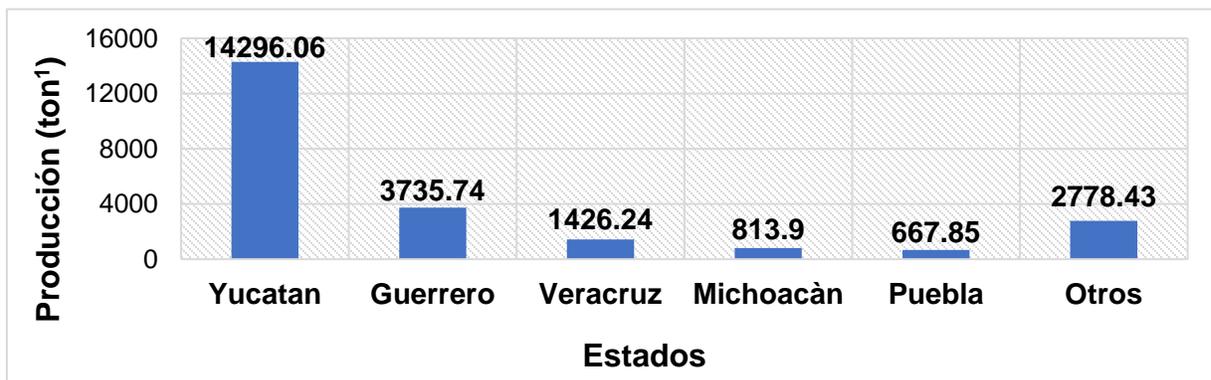


Figura 1. Estados productores de mamey en México (SIAP, 2023).

En el estado de Guerrero la producción de mamey se encuentra distribuida principalmente entre la Región montaña, Región Norte y Costa chica, las cuales aportan el 79.5 % del total de la producción en el estado (Figura 2), la cual se distribuye en una superficie sembrada de 302.5 hectáreas (SIAP, 2023).

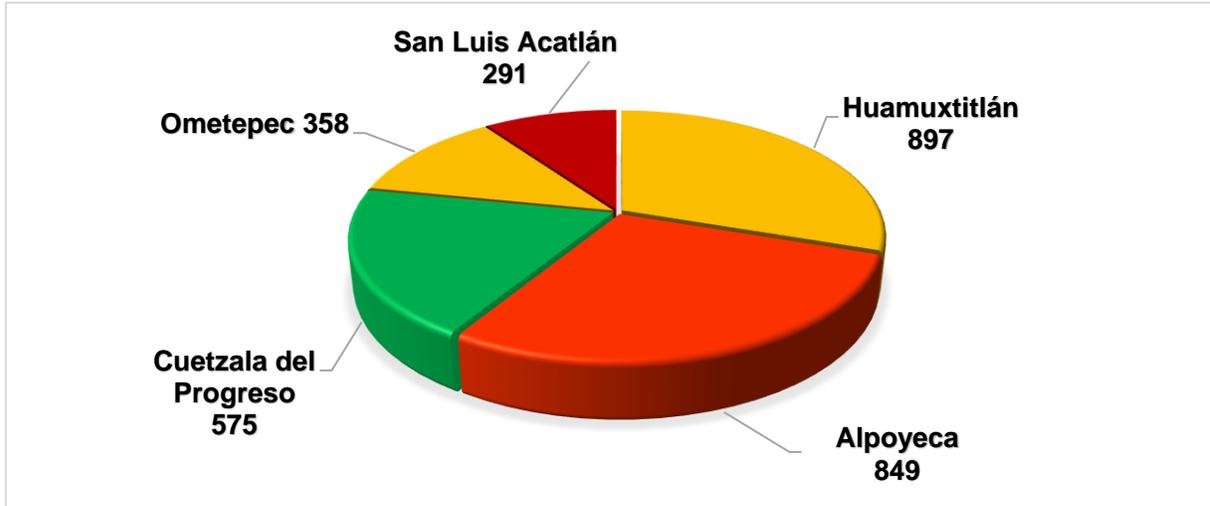


Figura 2. Municipios productores de mamey en el estado de Guerrero (SIAP, 2023).

El municipio de Cuetzala del Progreso fue uno de los tres principales productores de mamey para el año 2022, con una aportación del 15.4 % de la producción total, contando con una superficie sembrada de 58.0 hectáreas (SIAP, 2023). Cabe resaltar que para años anteriores dicho municipio ocupada el primer lugar de producción, mas, sin embargo, por la falta de investigación y mejoramiento dicho municipio se ha desplazado en hasta la tercera posición.

2.3. Origen y distribución

El mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn] es originario de las tierras bajas de América Central; comprendiendo el sur de México llegando a la península de Yucatán, Guatemala, Belice, norte de Honduras y la costa Atlántica de Nicaragua, crece de preferencia en forma silvestre desde el nivel del mar hasta más o menos 1000-1200 msnm (Morera, 1992; Azurdia, 2006). Se encuentra integrando parte de la vegetación boscosa de forma silvestre o bien como huertas familiares y en muy bajos casos como cultivo comercial. Sus cultivares se han distribuido desde el Caribe, América del Sur, Hawái y las Filipinas, se considera que los españoles contribuyeron a la dispersión y difusión del cultivo (Morera, 1992).

2.4. Taxonomía

Velázquez et al. (2015) mencionan que a nivel comercial se distinguen varias especies de la familia Sapotaceae, de las cuales sobresalen [*Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn] y *Calocarpum mammosum* L. En el municipio de Cuetzala del Progreso se cultiva particularmente la especie de [*Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn], la clasificación taxonómica se muestra a continuación en el Cuadro 1 (Ruggiero et al., 2015 y Stevens, 2017).

Cuadro 1. Clasificación taxonómica del mamey.

Jerarquías Taxonómicas	
Reino	Plantae
Subreino	Viridiplantae
Infrareino	Streptophyta
Superdivisión	Embryophyta
División	Tracheophyta
Subdivisión	Spermatophytina
Superclase	Angiospermae
Clase	Eudicotiledoneae
Subclase	Asteridae
Orden	Ericales
Familia	Sapotaceae
Subfamilia	Chysophylloideae
Genero	<i>Pouteria</i>
Especie	<i>sapota</i>

2.5. Morfología

El mamey es una especie polimorfa, con altura de 30 hasta 50 m y diámetro de 1 m o más (Azurdía, 2006); ramas grandes y follaje abundante (Almeyda et al., 1976), su corteza exterior fisurada se desprende en piezas rectangulares, de color gris parda o morena con un grosor de 10 a 20 mm (Moore y Stearn, 1985). Presenta una raíz terrestre, primaria, pivotante, leñosa y perenne, que llega a profundizar hasta 20 m debajo de la superficie del suelo. Las hojas simples coriáceas, acomodadas en forma

de espiral y por lo regular se localizan aglomeradas al final de las ramas, llegan a medir de 20 a 50 cm de largo por 7 a 15 cm de ancho, presentan coloración verde oscuro en el haz y pálido en el envés, el peciolo mide de 3 a 5 cm y su forma se presenta abovada u oblongolanceolada (Azurdia, 2006). El envés es pubescente cuando la hoja es joven y glabro cuando está madura, su coloración es verde claro y se clasifica como frutal perennifolio (Azurdia, 2006); cada año se forman nuevas ramas que constan de 8 a 10 hojas dispuestas de forma compacta (Almeyda et al., 1976). Sus flores son pequeñas, perfectas de coloración blancuzco, son sésiles, no presentan pedicelo o pedúnculo. Se presentan en abundancia sobre el extenso de las ramas pequeñas (1.3 a 5.1 cm de grosor), y tienden a agruparse hacia el final de las ramas. El cáliz consta de 8 a 10 sépalos superpuestos y la corola es un tubo de cinco pétalos blancos. Hay cinco estambres fértiles y cinco estaminoides. El pistilo tiene forma de cono, es pubescente y termina en un estigma simple. El ovario consta de cinco carpelos con un óvulo en cada celda (Almeyda et al., 1976; Morera 1992). Su fruto se clasifica como una baya indehiscente (Watson y Dalwitz, 1992) variando en su forma ampliamente entre árboles de la misma población; logrando ser fusiformes alargados y asimétricos, elipsoidales o casi esféricos, con un largo de 10 a 25 cm y ancho de 8 a 12 cm (Almeyda et al., 1976), con el cáliz permanente en la base y restos del pistilo en el ápice (Morera, 1992), su peso varía desde los 200 g a 3.0 kg (Morton, 1987; Umaña, 2000). El epicarpio es grueso y quebradizo, cubierto en su totalidad o parcial por capas corchosas provenientes de las lenticelas (Almeyda et al., 1976); presenta un grosor de 0.5 mm (Morton, 1987). El mesocarpio varía considerablemente en textura, es firme, aromático, muy dulce y color, de rojo anaranjado a grisáceo (Almeyda et al., 1976). En su interior tiene por lo general una semilla de forma alargada, en algunos casos es posible encontrar hasta 3 o 4 con una superficie lustrosa, de color negro o café, y de longitud aproximadamente la mitad del largo de la fruta; el embrión es plano convexo, cotiledones libres, radícula con extensión hasta la superficie de la semilla, sin endospermo. Su almendra generalmente es aceitosa, amarga, con gran olor a almendras amargas (Standley y Williams, 1967; Pennington y Sarukhan, 1968; Pennington, 1990; Azurdia, 2006; Plan rector, 2012).

2.6. Variabilidad genética

En el proceso de evolución y domesticación dan como resultado la variabilidad entre miembros de la población que forma una especie y su genoma puede expresarse con características visibles que dan como resultado el fenotipo (Hidalgo, 2003). La diversidad genética ha permitido el desarrollo de nuevas variedades que pueden adaptarse a cambios climáticos, con tolerancia a plagas y enfermedades (Estrella et al., 2005).

La gran diversidad genética de las plantas normalmente se encuentra amenazada por la reducción de su hábitat, cambio climático, sobreexplotación y la mancha urbana, elementos que presentan constante aumento (Hidalgo, 2003; Picca et al., 2004). Por tal razón, la subsistencia de los recursos fitogenéticos es cada vez más importante a nivel mundial y motivo de inquietud para conservar el mayor número de especies conservadas no solo en su centro de origen, así como también en los lugares donde su utilidad es de importancia o potencial económico (Hidalgo, 2003; Picca et al., 2004).

En los programas de mejoramiento, la variabilidad genética de las colecciones se elimina o reutiliza durante la selección de las características deseables a permanecer en los genotipos; en consecuencia, las colecciones con mucha variabilidad tienen más probabilidad de éxito (Wang et al., 2018), por ello la importancia de caracterizar el germoplasma es un elemento importante en la investigación debido a que es un componente para solucionar problemas actuales y futuros relacionados con la producción de variedades mejoradas a través de la utilización de metodologías tradicionales o biotecnológicas (Guevara-Mena y Salazar-Robin, 2015). La caracterización y evaluación son acciones que van de la mano debido a que consisten en describir los atributos de las colecciones de una misma especie para lograr diferenciarlas, establecer su utilidad, estructura, variabilidad genética y relaciones, y rastrear genes que originen su uso en la producción o en el mejoramiento de cultivos (Guevara-Mena y Salazar-Robin, 2015).

2.7. Marcadores genéticos

A través de los últimos años el hombre ha domesticado y mejorado genéticamente recursos fitogenéticos, optimizando su valor agronómico en beneficio propio; para ello,

ha sido necesario conocer el material vegetal (Swarup et al., 2021), a través de un enfoque que los clasifica en tres tipologías: en primera estancia los morfológicos, segundo los bioquímicos y tercero los de ADN/moleculares. Como primer punto, la caracterización e identificación habitual de variedades se emplea bajo los marcadores morfológicos y/o agronómicos (Azofeifa-Delgado, 2006; Dida, 2022).

2.7.1. Marcadores morfológicos

Los marcadores morfológicos son los más antiguos y ampliamente usados en el manejo del germoplasma (Arellano, 2012). Caracterizar morfológicamente los recursos se basa en el establecimiento de ciertas características bajo la utilización de descriptores designados los cuales aprueban diferencias de forma taxonómica las especies (Hernández-Villareal, 2013). Los caracteres morfológicos son útiles en el estudio de variabilidad genética, permitiendo clasificar y archivar la biodiversidad genética (Hernández-Villareal, 2013), a modo que en el mejoramiento de los cultivos y conservación son el primer eslabón (Hernández-Villareal, 2013; Dida, 2022).

2.7.2. Marcadores moleculares

Los marcadores moleculares se basan en la identificación de diferencias en las secuencias de nucleótidos, es decir, la detección de polimorfismos en el ADN y en la actualidad son frecuentemente usados como herramientas de evaluación en el fitomejoramiento (Widrechner, 2010; Nadeem et al., 2018).

La caracterización molecular permite identificar las accesiones y determinar sus relaciones genéticas, con ellos la identidad de las accesiones es reflejada por patrones de bandas, útil para estimar su variabilidad genética y determinar la efectividad de los marcadores (Laurentin, 2009). Los marcadores moleculares son dominantes o bien codominantes; su comportamiento es estable, escasean de efectos pleiotropicos, presentan mayor polimorfismo, permiten evaluar en cualquier etapa de desarrollo de la planta y no son alterados por el ambiente (Pérez-Castañeda et al., 2015). Estos se dividen en dos grupos, todo dependerá si la detección de los polimorfismos se ejecuta a través de hibridaciones o de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). En primer lugar, se encuentran los más relevantes siendo los de polimorfismos de longitud de fragmentos de restricción (Alcántara, 2007). Dentro de los marcadores moleculares los

cuales se basan en la Reacción en Cadena de la Polimerasa se encuentran: Los RAPDs, (amplificación aleatoria de ADN polimórfico), los AFLPs (polimorfismo de longitud de fragmentos amplificados), los SSRs también llamados microsatélites (repeticiones de secuencias simples), los ISSRs (repeticiones entre secuencias simples), entre otros (Ríos et al., 2009; Jonah et al., 2011; Riaz et al., 2020).

2.7.2.1. RFLPs

Los RFLPs (polimorfismo de longitud de fragmento de restricción) se ha convertido en una herramienta sumamente importante en el mapeo de los genes en las plantas, catalogado como marcadores los cuales se rigen en hibridación (Jonah et al., 2011; Dida, 2022). La extracción del ADN se basa en la digestión, utilizando enzimas de restricción definidas las cuales cortan el ADN en fragmentos (Jonah et al., 2011; Dida, 2022). Los RFLPs requieren demasiada cantidad y calidad de ADN molde, esto permite su alta reproducibilidad, gran abundancia genómica, herencia codominante, asociación con un rasgo de interés y buena transferibilidad, sin embargo, se necesitan reactantes tóxicos irradiantes y personal capacitado (Jonah et al., 2011; Dida, 2022).

2.7.2.2. RAPDs

Los RAPDs son ADN polimórfico amplificado al azar estos se basan en la reacción en cadena de la polimerasa la cual amplifica el ADN génico bajo el iniciador específico arbitrario de una secuencia de mononucleótidos (10 pb). Los iniciadores RAPDs logran detectar polimorfismo sin tener información específica de la especie, así como también sobre la secuencia, asimismo, al detectar polimorfismo este se utiliza en la edificación de los mapas de ligamiento (Jonah et al., 2011; Riaz et al., 2020). Los RAPDS generan polimorfismo a partir de las zonas génicas que presentan variación en presencia o ausencia de lugares de hibridación de iniciadores adicionales al momento de la inclusión o expulsión entre dos sitios del iniciador, generando los fragmentos de diferente peso molecular (Jonah et al., 2011). Una de las ventajas de estos iniciadores es que son rápidos de realizar, muy eficientes para realizar estudios de diversidad y para la realización de mapas genómicos, para su implementación se necesita muy poca cantidad de ADN y baja calidad (Jonah et al., 2011; Riaz et al., 2020).

2.7.2.3. AFLPs

Los AFLPs son polimorfismos amplificados de fragmentos de diferente longitud los cuales se rigen en los marcadores RFLP y PCR, esto con el objetivo de lograr una localización aligerada de investigación de patrimonio genético y variabilidad intraespecífica (Riaz et al., 2020; Dida, 2022). Se considerada una tecnología de caracterización de ADN genético sin importar su origen o complejidad, generando rápidamente fragmentaciones de ADN génico utilizando enzimas de restricción determinadas (Dida, 2022). Las ventajas de los AFLPs residen en su gran cantidad génica, la cual genera información de confianza y mayormente reproducibles, alto polimorfismo, obteniendo un número alto de bandas informativas por reacción, para esto se necesita una pequeña cantidad de ADN y no se requiere información de secuencia para la construcción del cebador (Dida, 2022). Los AFLPs han sido de gran utilidad en investigación del patrimonio genético, la colecta de marcas genéticas en el ADN, edificación de mapas genéticos y para ubicar características de interés (Riaz et al., 2020; Dida, 2022).

2.7.2.4. SSR

Los SSR son series de nucleótidos de muy bajo número de bases (1 - 6 pares de bases) pero con inmenso grado de replicación, el cual ocurre en diversos miles de loci del genoma nuclear (Alcántara, 2007). Se ha observado que este tipo de iniciadores se muestran en los cloroplastos y en las mitocondrias (Alcántara, 2007). Los SSR o también llamados microsatélites suelen ser de mono a hexanucleótidos, llegando a contener un mínimo porcentaje de replicación por loci y presentar nivel de polimórficos mayor (Alcántara, 2007). Las especies estrechamente relacionadas convierte a los SSR en una elección reveladora y notoria para una extensa aplicación en la biología evolutiva, la cual permitiría comprender la evolución de la diversidad génica, la estructura de las poblaciones, flujo de genes, y edificación de mapas genómicos (Alcántara, 2007). Así mismo, muestran cuantiosa cobertura genómica uniforme, alta diversidad alélica, hipervariabilidad, herencia codominante, facilitando la detección mediante PCR con la utilización de un par de iniciadores flanqueantes y solo necesitando una pequeña cantidad de ADN molde (Alcántara, 2007; Ramalho et al., 2016).

2.7.2.5. ISSR

Los ISSR (inter-secuencias simples repetidas) radican en la ampliación de segmentos del ADN genómico ubicados a una distancia cercana entre dos regiones que se repiten colocadas en orientaciones opuestas (Lee, 2019). A través de ella, se usan microsátélites, de forma general de 16 a 25 pb de longitud. Son marcadores dominantes permitiendo la no diferenciación entre los genomas de homocigotos y heterocigotos (Lee, 2019). Su producción de bandas polimórficas es alta permitiendo su fácil montaje, mayormente repetibles y coexisten iniciadores universales (Lee, 2019). Dicha técnica se utiliza mayormente en la estimación del patrimonio genico, clasificación taxonómica, estudio filogenético y huellas genómicas de ADN en los diferentes cultivares hortícolas (Lee, 2019; Riaz et al., 2020).

2.7.3. Marcadores bioquímicos

Considerados como los primeros marcadores moleculares en la exploración genética de las especies vegetales, siendo las proteínas isoenzimas, o aloenzimas, mayormente utilizadas como biomarcador (Alcántara, 2007), donde su análisis se realiza bajo la extracción de enzimas de los tejidos de la planta.

2.8. Importancia de la caracterización morfológica en mamey

A nivel morfológico se ha observado que el mamey presenta una amplia variabilidad en caracteres del fruto; sin embargo, existe poca información relacionada con caracterización de mamey, con relación a descriptores. En los estudios realizados, mayormente los caracteres con tasas de variación altas en especies cultivadas dentro y fuera de su zona de origen son: peso, longitud, diámetro, grosor del mesocarpio, color del mesocarpio, número de semillas, grosor de epicarpio y textura del epicarpio (Espinosa et al., 2005; Bayuelo-Jiménez et al., 2006 y Gaona-García et al., 2008).

La importancia de las investigaciones basadas en diversidad y variabilidad genética y fenotípica del cultivo mamey reside en que forma parte de los cimientos para la conservación, utilización, búsqueda de elecciones para la diversificación agrícola, también para evitar y contrarrestar la pérdida del recurso genético en su zona de origen y diversidad (Rodríguez, 2014).

2.9. Importancia de la caracterización molecular en mamey

La caracterización del mamey a niveles moleculares hasta el momento había sido reportada con gran patrimonio genético entre individuos y entre poblaciones, donde se ha observado que, al igual que las accesiones silvestres, los cultivares comerciales mostraban tasas de polimorfismo altos a 75 % (Carrara et al., 2004; Arellano-Durán, 2012; Ibarra-Estrada, 2012; Rodríguez-Rojas et al., 2012; Rodríguez-Gaytán, et al., 2021). El estudio de la variabilidad genética en mamey reside en convertirse en acción importante a su explotación, ya que en el conocimiento generado las tasas de variación en sus diferentes niveles se abastecerá un marco de análisis de confianza el cual permitirá crear estrategias de conservación y el desarrollo de variedades basadas en accesiones que sobresalen en alguno de sus caracteres (Azurdia, 2006; Elias-Nascimento et al., 2008; Rodríguez-Rojas et al., 2012; Rodríguez-Gaytán, et al., 2021).

2.10. Importancia de postcosecha en mamey

Contrariamente a la importancia del cultivo de mamey, su producción a estado restringida por componentes como prácticas de colecta, producción al mínimo en huertas familiares y en sistemas agroforestales, asociándolo con diferentes especies frutales (Azurdia, 2006; Nava-Cruz y Ricker, 2004). Por lo anterior, el manejo postcosecha muestra problemas esto relacionado a la maduración heterogénea de los frutos y consecuentemente susceptibilidad a plagas y enfermedades (Gómez-Jaimes et al., 2012).

El proceso de maduración del fruto es un comportamiento genéticamente programado y coordinado, en el cual se involucran cambios fisiológicos, bioquímicos y sensoriales que nos conducen a la obtención de caracteres óptimos para su consumo (Brady, 1987). El conocer la fisiología y bioquímica del proceso de maduración del fruto, es indispensable, ya que a partir de ello se desarrollarán tecnologías de postcosecha permitiendo mantener la vida útil y calidad del producto durante más tiempo (Valero y Serrano, 2010).

2.11. Literatura citada

- Alcántara, M. R. (2007). Breve revisión de los marcadores moleculares. *Ecología molecular* (pp, 541-566).
- Arcos, L. E. (2011). Caracterización del Sistema de Producción de Mamey (*Pouteria sapota* Jacq.) del Municipio de Huamuxtitlan, Gro. [Trabajo de grado/. Colegio de Posgraduados]. http://www.biblio.colpos.mx:8080/jspui/bitstream/handle/10521/443/Arcos_Lopez_E_MT_EDAR_2011.pdf;jsessionid=D3D0AC0776826D22B2639EA59845BD53?sequence=1.
- Arellano, D. N. (2012). Caracterización morfológica, estudio molecular y determinación de azúcares en zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn). [Tesis de maestría en Ciencias/Colegio de Postgraduados, pp, 4 -19].
- Azofeifa, D. Á. (2006). Uso de marcadores moleculares en plantas; aplicaciones en frutales del trópico. *Agronomía Mesoamericana*, 17(2), 221-242.
- Azurdía, C. (2006). Tres especies de zapote en América Tropical. Southampton Centre for Underutilised Crops, University of Southampton. Southampton, pp, 3 - 22.
- Azurdía, C., Mejía, L., y Nufio, B. (1997). Variabilidad en frutales tropicales nativos de *Pouteria*, Sapotaceae, utilizando marcadores isoenzimáticos. *Ciencia y Tecnología*, 2(1), 105- 114
- Bayuelo, J. J. S., y Ochoa, L. (2006). Caracterización morfológica del zapote mamey [*Poueria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn] en el centro occidente de Michoacán, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 29 (1), 9-17.
- Bayuelo, J. J. S., Rivera, A. N., & Ochoa, L. (2007). Sapote Mamey. [*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn]: A potential crop for subtropical regions of Michoacan, Mexico. *Canadian Journal of Plant Science*, 1(87), 537- 544
- Brady, C. J. (1987). Fruit Ripening. *Annual Review of Plant Physiology* (38), 155-178.

- Carrara, S., Campbell, R., & Schnell, R. (2004). Genetic Variation among cultivated selections of mamey sapote (*Pouteria* spp. [Sapotaceae]). *Proceedings of the Florida State Horticulture Society*, (117), 195-200.
- Castellanos, H. O. A., Lepiz, I. R., Castellanos, E. G. E., Rodríguez, S. A., y Torres, M. M. I. (2017). Relaciones genéticas basadas en marcadores ISTR entre formas silvestres, cultivadas e intermedias de frijol de guía colectado en Jalisco, México. *Acta Botánica Mexicana*, (118), 53-63. DOI: <https://abm.ojs.inecol.mx/index.php/abm/article/view/1200/html>
- CFF (Crops for the Future), (2013). What are “Neglected and Underutilised species”. <http://www.cropsforthefuture.org/about-us/what-are-neglected-and-underutilisedspecies/>.
- Dida, G. (2022). Molecular markers in breeding crops: recent progress and advancements. *International Journal of Novel Research in Life Sciences*, 9(5), 10-21. <https://doi.org/10.5281/zenodo.7057206>
- Elías, N. V., Geraldo, M. A. B., & Hassayuki, H. (2008). Caracterização física e química de frutos de mamey. *Revista Brasileira de Fruticultura*, 30(4), 953-957.
- Espinosa, Z., Saucedo, C., Villegas, A., e Ibarra, M. E. (2005). Caracterización de frutos de zapote mamey en Guerrero, México. *Interamerican Society for Tropical Horticulture*, (48), 135-138.
- Galván, B., y Núñez, R. (1994). Parámetros de identificación y selección de materiales sobresalientes de mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn) en la Sierra Nor-oriental del estado de Puebla. *Interamerican Society for Tropical Horticulture*, (38), 150-151.
- Gaona, G. A., Alia, T. I., López, M. V., Andrade, R. M., Colinas, L. M. T., y Villegas, T. O. (2008). Caracterización de frutos de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn) En el sureste del Estado de Morelos. *Revista Chapingo Serie Horticultura*. 14 (1), 41-47.

- Gazel, F. A. B., Morera, J., Ferreira, P., León, J., y Pérez, J. (1999). Diversidad Genética de la Colección de zapote [*Pouteria sapota* (Jacquin) H.E. Moore & Stearn] del CATIE. *Plant Genetic Resources Newsletter*, (117), 37-42.
- Gómez, J. R., Nieto, A. D., Téliz, O. D., Mora, A. J. A., Nava, D. C., Martínez, D. M. T., y Vargas, H. M. (2012). Manejo postcosecha del zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn) y su impacto en la calidad de la fruta. *Revista Chapingo, Serie Horticultura*, 28 (2), 253- 262.
- GRO-CULTURA (2018). Enciclopedia Guerrerense – Cuetzala del Progreso. En línea: <https://enciclopediagro.mx/indice-municipios/municipio-de-cuetzala-del-progreso/>
- Guevara, M. M. E., y Salazar, R. J. (2015). Caracterización morfológica del fruto y la semilla de 9 clones de cacao (*Theobroma cacao* L.) [INTA-Seminario/ Universidad Autónoma de Nicaragua, pp, 10 – 11].
- Hernández, V. A. E. (2013). Caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. *Revista Bio Ciencias*, 2(3), 113-118.
- Hidalgo, R., y Franco, T. L. (2003). Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. [Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), 89 p].
- Ibarra, E. M. E. (2012). Morfología de frutos, perfil de ácidos grasos en semilla y diversidad genética molecular en selecciones de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Morre & Stearn). [Tesis de doctorado en Ciencias/ Colegio de Postgraduados, 77 p].
- Infante, D., Molina, S., Demey, J. R., y Gaámez, E. (2006). Asexual genetic variability in Agavaceae determined with inverse sequence tagged repeats and amplification fragment length polymorphism analysis. *Plant Molecular Biology Reporter*, (24), 205–217.

- Jonah, P. M., Bello, L. L., Lucky, O., Midau, A., y Moruppa, S. M. (2011). The importance of molecular markers in plant breeding programmes. *Global Journal of Science Frontier Research*, 11(5), 5-12.
- Lee, J. (2019). Development and evolution of molecular markers and genetic maps in *Capsicum* species. In Ramchiary, N., & Kole, C. (Eds.). (2019), *The Capsicum Genome* (pp. 85-103). Springer International Publishing.
- López, D. J. M. (2011). Mamey (*Pouteria sapota*). <https://agronomoglobal.blogspot.com/2011/12/mamey-mammeaamericana-1.html>.
- Martínez, C. J., Blancarte, J. N. H., Chepe, C. G., Nah, C. N. G., Ortiz, G. M. M., & Arias, R.S. (2019). Structure and genetic diversity in wild and cultivated populations of Zapote mamey (*Pouteria sapota*, Sapotaceae) from southeastern Mexico: its putative domestication center. *Tree Genetics & Genomes*, 15 (61), 2 – 11.
- Mora, A. A., y Téliz O. D. (2012). Generación y transferencia de tecnología para el manejo integrado del mamey (*Pouteria sapota*). Colegio de Posgraduados-Fundación Produce de Guerrero, A.C. <http://www.cm.colpos.mx/morafrutales/Mamey%20Estudiantes%202012/Introduccion.pdf>.
- Nadeem, M. A., Nawaz, M. A., Shahid, M. Q., Doğan, Y., Comertpay, G., Yıldız, M., Comertpay, G., Yıldız, M., Hatipoglu, R., Ahmad, F., Alsaleh, A., Labhane, N., Ozkan, H., Chung, G., & Baloch, F. S. (2018). DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. *Biotechnology & Biotechnological Equipment*, 32(2), 261-285.
- Nava, Cruz, Y., y Ricker, M. (2004). El Zapote Mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn] un fruto de la selva mexicana con alto valor comercial. En: Alexiades, M.N. y P. Shanley, Eds. 2004. Productos Forestales, medios de subsistencia y conservación: Estudios de Caso sobre sistemas de manejo de

- productos forestales no maderables. Vol. 3. Centro para la Investigación Forestal Internacional. Indonesia.
- Picca, A., Helguera, M., Salomón, N., y Carrera, A. (2004). Marcadores moleculares. *In: Biotecnología y Mejoramiento Vegetal*. Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Argentina, 61-68.
- Ramalho, D. E., & Monteiro, D. M. (2016). Genetics and breeding of chili pepper *Capsicum* spp. In Ramalho, D. E., Monteiro d. M. and Luiz F. F. (Eds.), *Production and breeding of chilli peppers (Capsicum spp.)*, (pp. 57-80.) Cham Switzerland: Springer
- Riaz, A., Anjum, M. A., & Balal, R. M. (2020). From markers to genome-based breeding in horticultural crops: an overview. *Phyton*, 89(2), 183 p. <https://doi.org/10.32604/phyton.2020.08537>
- Ríos, E., Mejía, H., y Álvarez, S. (2009). Marcadores moleculares: una Revolución en la Zoología. *Ciencia*, 5–13.
- Rodríguez, R. T. J., Andrade, R. M., Alía, T. I., López, M. V., Espinoza, Z. S., y Esquinca, A. H. (2012). Caracterización molecular del zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn). *Revista de la Facultad de Agronomía LUZ*, (29), 339-354.
- Rodríguez, G. M. A., Medina, U. V. M., & Torres, M. M. I. (2021). Genetic variability in mamey (*Pouteria sapota* (Jaq.) H.E. Moore & Stearn) based on molecular markers and fruit morphology. *eCUCBA*, (16), 6–11.
- SAGARPA (2012). Comité Sistema Producto Mamey de Guerrero, A.C. Chilpancingo Gro.
<http://dev.pue.itesm.mx/sagarpa/estatales/EPT%20COMITE%20SISTEMA%20PRODUCTO%20MAMEY%20GUERRERO/PLAN%20RECTOR%20QUE%20CONTIENE%20PROGRAMA%20DE%20TRABAJO%202012/PR%20Mamey%20Gro.%202012.pdf>.

- SIAP (2023). Sistema de información agroalimentaria y pesquera. http://nube.siap.gob.mx/cierre_agricola/.
- Swarup, S., Cargill, E. J., Crosby, K., Flagel, L., Kniskern, J., & Glenn, K. C. (2021). Genetic diversity is indispensable for plant breeding to improve crops. *Crop Science*, 61(2), 839-852.
- Torres, M. M. I., Almaraz, A. N., Velasco, R. A. P., Hernández, V. V., Orea, L. G., Cifuentes, D. de León, A., & Oliver, S. C. (2008) Taxonomic significance of ISTR to discriminate species in Agavaceae. *Am J Agric Biol Sci*, (3):661–665.
- Valero, D., & Serrano, M. (2010). Postharvest Biology and Technology for Preserving Fruit Quality. CRC Press-Taylor & Francis. Boca Raton, Florida, USA. 270 p.
- Wang, Y., Chen, D., He, X., Shen, J., Xiong, M., Wang, X., & Wei, Z. (2018). Revealing the complex genetic structure of cultivated amaryllis (*Hippeastrum hybridum*) using transcriptome-derived microsatellite markers. *Scientific Reports*, 8(1), 1-12.
- Widrechner, M. P. (2010). Genetic markers and plant genetic resource management. *Plant Breeding Reviews*, 13(13), 11-17.

CAPÍTULO 3. CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE FRUTOS DE MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL PROGRESO, MÉXICO

3.1. RESUMEN

El mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] tiene alto potencial para explotación comercial; sin embargo, a la fecha las plantaciones del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, se caracterizan por tener árboles criollos, y su disseminación ha sido principalmente por semilla, generando así una amplia diversidad genética. El objetivo de la presente investigación fue caracterizar morfológicamente, en función de parámetros de frutos y semillas, 29 accesiones de mamey de Cuetzala del Progreso, para identificar aquellas las de mejores características sobresalientes. Se evaluaron variables morfológicas: peso, diámetro y grosor del fruto, grosor del epicarpio y mesocarpio, número de semillas, peso, longitud, ancho y espesor de estas, firmeza, °Brix, color del epicarpio y mesocarpio. Se obtuvieron tres grupos de accesiones a través de un análisis multivariado de agrupamiento, mismos que se corroboraron con apoyo de un análisis discriminante, se observó que las agrupaciones se establecieron especialmente en caracteres respectivos a la calidad física y hedónica. Así, en las poblaciones se identificaron cualidades de interés con oportunidades de uso para el mejoramiento genético de la morfología en los frutos.

Palabras claves: Accesiones, multivariado, *Pouteria sapota*, variabilidad morfológica.

MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF MAMEY FRUITS [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] IN CUETZALA DEL PROGRESO, MEXICO

3.2. ABSTRACT

The mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] has high potential for commercial exploitation; However, to date the plantations in the Cuetzala del Progreso, Guerrero, are characterized by having native trees, and their dissemination has been mainly by seed, thus generating a wide genetic diversity. The objective of this research was to morphologically characterize, based on fruit and seed parameters, 29 accessions of mamey sapote from Cuetzala del Progreso, to identify those with the best outstanding characteristics. Morphological variables were evaluated: weight, diameter and thickness of the fruit, thickness of the epicarp and mesocarp, number of seeds, weight, length, width and thickness of these, firmness, °Brix, color of the epicarp and mesocarp. Three groups of accessions were obtained through a multivariate grouping analysis, which were corroborated with the support of a discriminant analysis; it was observed that the groupings were established especially in characters corresponding to physical and hedonic quality. Thus, qualities of interest with opportunities for use for the genetic improvement of fruit morphology were identified in the populations.

Key words: Accessions, multivariate, *Pouteria sapota*, morphological variability.

3.3. INTRODUCCIÓN

El mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn], es un cultivo con un valioso potencial para su aprovechamiento comercial; cabe mencionar, que actualmente no se cuentan, en su mayoría con huertos comerciales que dispongan de variedades de selección que permitan cumplir la demanda progresiva de su fruto (Villegas-Chora, 2021). No obstante, a pesar de la importancia de este recurso fitogenético, en la actualidad se cuentan con pocas investigaciones respecto a caracterización morfológica, poscosecha, propagación y manejo agronómico (Rodríguez, 2017).

El estudio de la diversidad genética se ha vuelto importante para la comunidad científica, preferentemente en aquellas especies escasamente exploradas y con gran impacto productivo (Nuñez-Colín et al., 2004) como el mamey, del cual se tienen establecidas 1,704.86 hectáreas en el país, distribuidas en los estados de Yucatán, Guerrero, Veracruz, Michoacán y Puebla, que aportan 88.3 % de la producción nacional (SIAP, 2023). Al respecto, Sandoval et al. (2006) mencionan que faltan de variedades mejoradas, manejo eficiente del huerto y de poscosecha.

En el estado de Guerrero la producción de mamey se distribuye en 15 municipios, en los cuales destaca Huamuxtitlán, Alpoyeca y Cuétzala del Progreso, con cerca de 234 hectáreas presentando rendimientos de 10.95, 12.40 y 9.92 t ha⁻¹, respectivamente (SIAP, 2023). En Cuetzala del Progreso hay aproximadamente 58 ha de mamey, con un rendimiento promedio de 9.92 t ha⁻¹ (SIAP, 2023); las plantaciones establecidas se caracterizan por ser de genotipos criollos, lo que indica que la diseminación de esta especie en el municipio ha sido por semilla principalmente, generando así una amplia diversidad genética. Es importante destacar que en dicho municipio existen cultivares con características organolépticas, agronómicas y morfológicas sobresalientes que presentan un gran potencial para la comercialización.

Por lo anterior, el propósito de la presente investigación fue caracterizar morfológicamente y en función de parámetros de frutos y semillas 29 accesiones de mamey de Cuetzala del Progreso, para identificar aquellas con caracteres sobresalientes en sus frutos.

3.4. MATERIALES Y MÉTODOS

3.4.1. Sitio del muestreo

La colecta del presente estudio se realizó en la localidad de Cuetzala del Progreso, Guerrero, México, ubicado en los ejes latitud norte 17° 53' 34" y 18° 19' 03", y 99° 43' 17" y 99° 54' 26" de longitud oeste; las condiciones edafoclimáticas son de dos tipos: cálido subhúmedo, con temperatura media anual de 22 °C, y el subhúmedo semicálido, presentando la misma temperatura media anual y precipitación media anual de 1000 mm. Los tipos de suelo predominantes son chernozem o negro, que se caracterizan por su alto contenido de calcio a profundidades de 60 a 90 cm y la región se encuentra a una altitud de 1120 msnm (GRO-CULTURA, 2018).

3.4.2. Localización del sitio experimental

El presente estudio se realizó en el Laboratorio de Fruticultura II ubicado en el Departamento de Fitotecnia perteneciente a la Universidad Autónoma Chapingo, México, localizada en el km 38.5 carretera México - Texcoco, Estado de México.

3.4.3. Material Experimental

Se colectaron 145 frutos de 29 árboles adultos de mamey establecidos en plantaciones del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero. Los frutos fueron colocados en costales tipo "Arpilla" para conservar el buen estado durante su traslado a la UACH. Los árboles fueron identificados bajo la inicial del nombre del productor junto al número respectivo del muestreo (Cuadro 1).

Al momento de la colecta los frutos se cortaron en su madurez fisiológica, el cual consistió en hacer un raspado del epicarpio en la base y parte superior (punta) del fruto, donde se utilizó como indicador la coloración rojiza o naranja de la pulpa.

Cuadro 1. Identificación de 29 árboles de mamey del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero.

Huerta	Nombre del productor	Identificación	Zona
1	Marcelino Téllez Nazario	M-1	Salitre
2	Félix Luna Tampa	F-2	Salitre
3	Oscar Salgado Arteaga	O-3	Salitre
4	Fernando Diaz Romero	F-4	Salitre
5	Miguel Diaz	M-5	Salitre
6	Eloy Damásio Diaz	B-6	Salitre
7	Oscar Salgado Arteaga	O-7	Toma
8	Viliulfo Aparicio Arteaga	V-8	Mameyal
9	Ranferi Pérez López	R-9	Rodeo
10	Marcelino Damásio Vidales	M-10	Rodeo
11	Angelica Sandoval Bahena	A-11	Rodeo
12	Ricardo Ríos Ríos	R-12	Rodeo
13	Juventino Salgado Perfecto	J-13	Rodeo
14	José Carmen Luna	J-14	Rodeo
15	Delfina Bollas Cervantes	D-15	Mezatencli
16	José Luis Bollas Bello	J-16	Mezatencli
17	Daniel Téllez Mena	D-17	Mezatencli
18	Gustavo Guzmán Miranda	G-18	Naranjastita
19	Ma. Gonzaga Aparicio Lagunas	G-19	El paso
20	Ignacio Clavijo Bustamante	N-20	El paso
21	Salvador Luna Aparicio	S-21	Puente
22	Rutilo Téllez Vásquez	R-22	Puente
23	Armando Arteaga Damásio	A-23	Puente
24	Ernesto Baiza Romero	E-24	El paso
25	Juan Baiza Ávila	J-25	El paso
26	Jesús Martínez Reynosa	J-26	El paso
27	Alejandro Álvarez Arteaga	A-27	El paso
28	Antonio Nájera Blanquel	A-28	Mameyal
29	Ignacio Clavijo Bustamante	N-29	El paso

3.4.4. Variables de estudio

El cultivo de mamey en la actualidad no cuenta con descriptores establecidos, es por ello, que en la caracterización morfológica se evaluaron características con base a la revisión propuestas por Azurdia et al. (1997), Bayuelos-Jiménez y Ochoa (2006).

Las variables evaluadas en el presente estudio fueron:

3.4.4.1. Peso del fruto

Se determinó el peso de cada uno de los frutos con una balanza granataria eléctrica marca OHAUS®, modelo Scout™Pro (2000 g). Los valores se registraron en gramos.

3.4.4.2. Diámetro y grosor del fruto

Se determinaron con un vernier mecánico marca TRUPER®, modelo STAUNLESS STEEL. El diámetro se tomó de la parte ecuatorial del fruto y la longitud desde la base hasta el ápice del mismo, registrando los valores en milímetros.

3.4.4.3. Grosor del epicarpio y mesocarpio

Se determinaron utilizando un vernier mecánico marca TRUPER®, modelo STAUNLESS STEEL. De los frutos partidos a la altura ecuatorial del fruto se midió en milímetros el grosor del epicarpio y mesocarpio.

3.4.4.4. Número de semillas

De los frutos previamente partidos, se extrajeron las semillas que se localizaban en el centro para contabilizar cada una de ellas.

3.4.4.5. Peso de la semilla

Se registró en gramos con una balanza granataria eléctrica marca OHAUS®, modelo Scout™Pro (2000 g).

3.4.4.6. Largo, ancho y grosor de la semilla

Se determinaron en milímetros con un vernier mecánico marca TRUPER®, modelo STAUNLESS STEEL. La longitud de la semilla se tomó desde la base hasta el ápice de esta, mientras que el ancho se determinó en la parte ecuatorial de la semilla, referencia que se tomó para cuantificar el grosor de la misma.

3.4.4.7. Firmeza

Se valoró con un penetrómetro marca COMPACT- GAUGE- MECMESIN con una punta cónica de 9.5 mm de ancho y una longitud de 7.30 mm (capacidad 0 - 12 kg), las lecturas de cada fruto se registraron expresando sus valores en Kgf.

3.4.4.8. Sólidos solubles totales (° Brix)

Se licuaron 10 g de pulpa en 50 ml de agua destilada, posteriormente se tomó una muestra con un gotero y se colocó en la lente de un refractómetro digital marca ATAGO® - Pocket Pal-1 (0 – 53 %); los resultados se expresaron en unidades °Brix.

3.4.4.9. Color del mesocarpio y epicarpio

Con un colorímetro marca ColorTec-PCM™ se midieron los valores L^* , a^* y b^* , los cuales a través del cálculo de relación b^*/a^* se obtuvieron los cambios de color: ángulo de tono ($h = \arctan^{-1} b^*/a^*$) y cromaticidad [$C^* = (a^{*2} + b^{*2})^{1/2}$] (McGuire, 1992). Dando como resultado los valores de L^* (brillo), índice de saturación (Chroma) y ángulo de tono (Hue).

3.4.5. Análisis estadístico

Con los datos obtenidos se empleó un análisis de agrupamiento partiendo del algoritmo de mínima varianza de Ward y de la matriz de distancias euclidianas, para efectuar la altura de corte se utilizó la pseudo F (Johnson, 1998), el criterio cúbico de agrupamiento (SAS, 1983) y la pseudoestadística t^2 (Hotelling, 1951). La formación de los grupos se corroboró bajo un análisis discriminante el cual consideró como variable categórica los grupos generados, el análisis permitió conocer los caracteres responsables de cada grupo.

3.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El dendrograma del análisis de agrupamiento realizado con las 18 variables evaluadas (Figura 1) se obtuvo bajo el método de varianza mínima de Ward. Con el criterio cúbico de agrupamiento (SAS Institute, 1983) y la pseudoestadística t^2 de Hotelling (1951), se efectuó el corte con r^2 semiparcial a la altura de 0.076 formando tres grupos. El número de colectas contenidas en los grupos fueron 17, 8 y 4, referentemente.

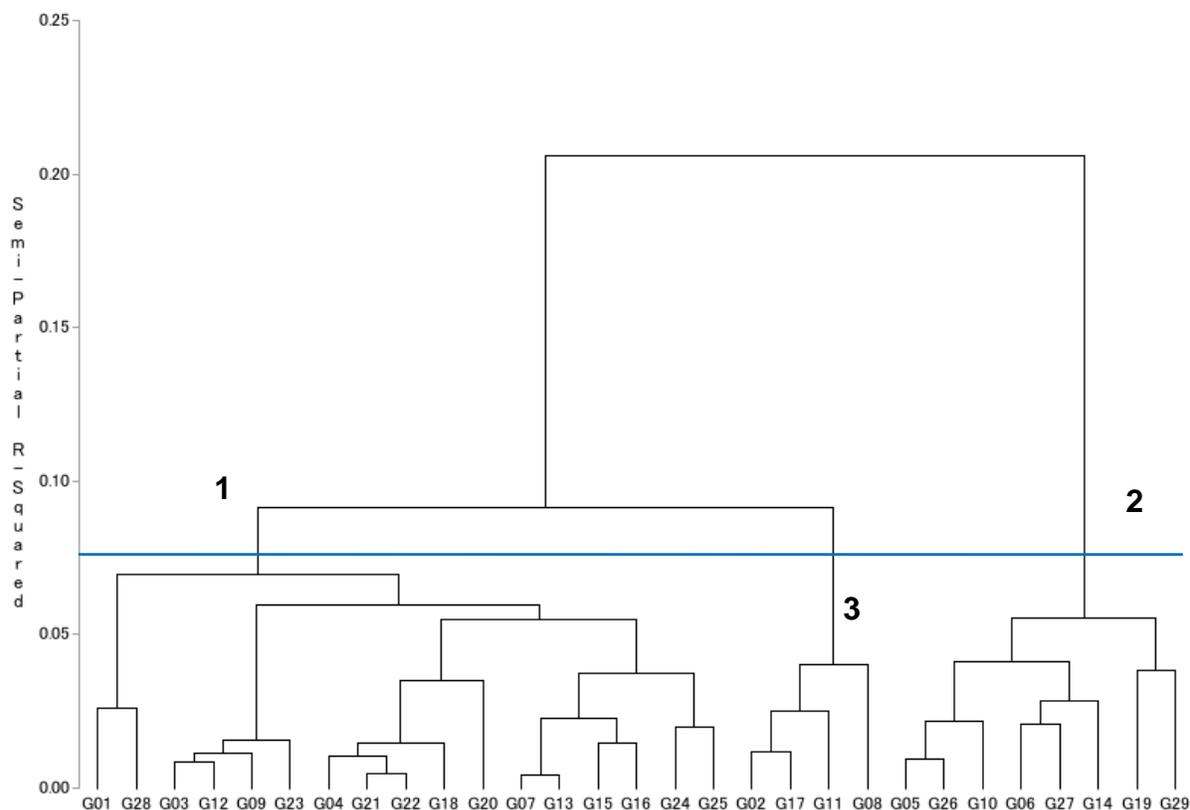


Figura 1. Dendrograma jerárquico de caracteres morfológicos de 29 selecciones de mamey, derivado de distancias euclidianas y algoritmo de mínima varianza de Ward. G: Genotipos.

En la presente investigación se utilizó el método de varianza mínima de Ward que al valorar la variación existente de las accesiones tiene como ventaja el reducir la presencia de individuos atípicos dentro de las agrupaciones (Marín-Montes et al., 2016). Dicho método contrasta con Rodríguez-Gaytán et al. (2021), y Chepe-Cruz et al. (2022), quienes emplearon el método de Análisis de Componentes Principales. Estos resultados sugieren que las accesiones de mamey procedentes del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero presentan una gran variabilidad morfológica en sus frutos en relación con los resultados de estudios previamente referidos.

Con el análisis discriminante lineal se consideraron variables categóricas aquellas tres agrupaciones derivadas. Al formarse tres variables discriminantes (VD) permitió que tan solo dos de ellas explicaran el 90.8 % de la variabilidad observada, 67.04 % en la primera y 23.72 % en la segunda, relativamente (Cuadro 2). La estructura canónica total mostro la asociación lineal entre las funciones discriminantes formadas y los 18 caracteres utilizados en el respectivo análisis.

Cuadro 2. Vectores propios y funciones discriminantes de tres grupos de mamey definidos con caracteres morfológicos de sus frutos.

Variable	Vector Propio		Función discriminante	
	VD1	VD2	VD1	VD2
Constante			-6417	-6163
Peso del fruto (g)	0.669601	0.188647	-4.42083	-4.35575
Diámetro del fruto (mm)	0.529610	-0.074312	19.84258	19.41925
Grosor del fruto (mm)	0.536009	0.321395	25.96353	28.05101
Grosor del epicarpio (mm)	0.392163	-0.003693	191.18011	256.90266
Grosor del mesocarpio (mm)	0.374485	0.417073	61.30756	57.39630
Número de semillas	0.143139	-0.232957	395.69548	395.27225
Peso de la semilla (g)	0.346806	0.323961	11.53625	12.09475
Ancho de la semilla (mm)	0.027430	0.421916	-13.39623	-16.55347
Espesor de la semilla (mm)	0.428792	0.443019	-13.73440	-7.66268
Longitud de la semilla (mm)	0.389846	-0.020212	-10.46288	-9.68272
Firmeza (kgf)	-0.360259	-0.073865	-1034	-965.94309
Sólidos solubles (° Brix)	-0.279108	-0.260180	-16.34538	-16.04059
L* del mesocarpio	0.272402	-0.631328	9.58868	3.87632
C* del mesocarpio	-0.746815	0.430208	50.46378	46.22367
h° del mesocarpio	0.504087	-0.630624	23.31373	27.53719
L* del epicarpio	-0.247721	-0.184708	4.97320	3.02175
C* del epicarpio	0.004185	-0.207222	133.64892	125.57833
h° del epicarpio	-0.255362	0.326193	26.20550	25.27678

La VD1 está asociada negativamente con la firmeza, °Brix y la saturación de la pulpa y de manera positiva con el espesor de la semilla, peso, grosor y diámetro del fruto,

mientras que en VD2 se presentó relación positiva con el mesocarpio grueso, ancho y espesor de la semilla.

Con la formación de los dos VD, se pueden apreciar los caracteres morfológicos en los grupos formados con sus respectivas colectas que la integran (Cuadro 3).

Cuadro 3. Grupos de las colectas de mamey derivados a través de las características morfológicas, bajo la aplicación del análisis multivariado de agrupamiento y discriminante.

Grupo	Colecta	Origen	Características
1 (17 colectas)	1 M-1, O-3, F-4, O-7, R-9, R-12, J-13, D-15, J-16, G-18, N-20, S-21, R-22, A-23, E-24, J-25, A-28.	Salitre Toma Rodeo Mezatenci Naranjastita Puente El paso	Frutos pesados, redondos, alto número de semillas y con gran espesor, firmeza y °Brix bajo. Color del mesocarpio rojo.
2 (8 colectas)	M-5, B-6, M-10, J-14, G-19, J-26, A-27, N-29.	Salitre Rodeo El paso	Frutos pesados, largos, mesocarpio grueso, bajo número de semillas, ancho y espesor grande en semillas. Firmeza y °Brix media. Color del mesocarpio naranja-amarillento.
3 (4 colectas)	F-2, V-8, A-11, D-17.	Salitre Mameyal Rodeo Mezatenci	Frutos pesados, mesocarpio grueso, cascara delgada, bajo número de semillas. Firmeza y °Brix alto, peso y espesor de la semilla alto. Color del mesocarpio naranja-vivido

Partiendo de la formación de los VD1 y VD2, a través de sus valores designados a cada accesión, se corrobora la clasificación de grupos emanados en el análisis de agrupamiento, donde el Grupo I se conformó por frutos pesados, redondos, con mayor número de semillas, mismas que presentaron gran espesor, frutos blandos y poca dulzura, pero con un mesocarpio color rojo.

El grupo II presentó frutos pesados, largos, mesocarpio grueso, bajo número de semillas, pero con un ancho y espesor mayor, frutos más firmes y mayor contenido de °Brix que el grupo anterior, con una coloración en la pulpa naranja-amarillento. Finalmente, la agrupación III muestra frutos pesados, largos mesocarpio grueso,

casaca delgada, con alta firmeza y contenido °Brix alto, además de un color del mesocarpio naranja-vivido (Figura 2).

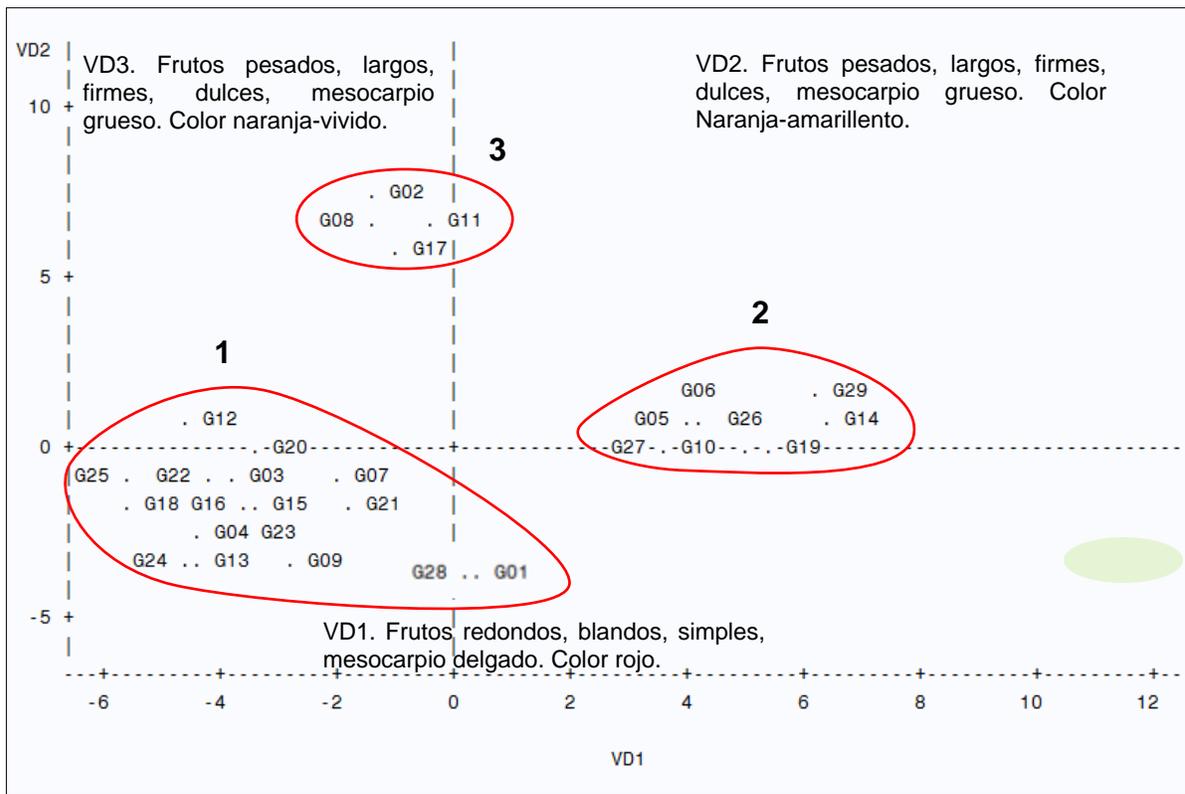


Figura 2. Grafica representativa de las variables discriminantes (VD1 y VD2) de tres grupos de colectas de mamey acorde a sus caracteres morfológicos.

Chepe-Cruz et al. (2022), mencionaron que accesiones provenientes del Norte de Puebla, en la región del Totonacapan Poblano, detectaron valores altos variabilidad morfológica en *Pouteria sapota* identificando ocho agrupamientos de mamey. De los descriptores utilizados los de mayor aportación al agrupamiento son la forma, altura y tamaño del árbol, el peso, tamaño y forma de la hoja; mientras que, en correlación al fruto, la forma fue el descriptor que más contribuyó.

Rodríguez-Gaytán et al. (2021), reportaron de plantaciones proveniente del municipio de Comala, Colima, que los caracteres que favorecieron en gran medida a manifestar la variabilidad total de sus cultivares son: la longitud, peso, grosor alargado del mesocarpio, diámetro, número de semillas y forma del fruto, lo cual se asemeja parcialmente con lo observado en la presente investigación.

3.6. CONCLUSIONES

La caracterización morfológica de 29 accesiones de mamey del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, identificó variabilidad en función de parámetros de frutos y semillas, donde las accesiones se conglomeraron en tres grupos, basados principalmente en caracteres relativos a la calidad física y hedónica.

Los grupos II y III presentaron las características morfológicas más sobresalientes, los cuales podrían ser útiles en programas de conservación, mejoramiento y aprovechamiento.

3.7. LITERATURA CITADA

- Aguilar, C. C., González, H. V. A., Mora, A. J. A., y Villegas, M. Á. (2015). Estudio fenológico en zapote mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn] Guerrero, México. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 18(1), 71–79.
- Ariza, R., Michel, A., Barrios, A., Otero, M., Espinosa, N., y Avendaño, C. H. (2018). Calidad de los frutos de *Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn y tolerancia al aire caliente forzado húmedo. *Agroproductividad*, 11(1), 62–71.
- Azurdia, C., Martínez, E., y Ayala, H. (1997). Recursos genéticos de injerto *Pouteria viridis* en el altiplano central de Guatemala. Universidad de San Carlos de Guatemala. Ciencia y Tecnología. pp: 69-80.
- Barrios, A. J. L., y Magnealy, C. J. (2006). *Construcción de un sistema de información para la universidad autónoma chapingo, utilizando imágenes de satélite de alta resolución*. [Tesis de Licenciatura, Universidad Autónoma Chapingo]. <https://rchscfaVIII364.pdf>
- Bayuelos, J. J S., y Ochoa, I (2006). Caracterización morfológica de sapote mamey (*Pouteria sapote* (Jacq) H. E. Morre & Stearn) del centro occidente de Michoacán, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 29(1), 9-17.
- Chepe, C. G., Aguilar, T. M., Fajardo, F. M.L., Molina, M. P., Santacruz, V. A., & Hernández. R. M. (2022). Characterization of mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn] in the Totonacapan Poblano region of Puebla, Mexico. *Agro Productividad*, 15(9), 175-184. <https://doi.org/10.32854/agrop.v15i9.2245>
- GRO-CULTURA. (2018). Enciclopedia Guerrerense – Cuetzala del Progreso. En línea: <https://enciclopediagro.mx/indice-municipios/municipio-de-cuetzala-del-progreso/>.
- Hotelling, H. (1951). A generalized t test and measure of multivariate dispersion. Proceedings of the Second Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability. Berkeley, California: University of California Press. 41 p.

- Johnson, E. D. (1998). Applied Multivariate, Methods for data Analysts. USA: Cole Publishing Company, pp, 884-885.
- Marín, M. I. M., R. Lobato, O. G. Carrillo, C. J. E. Rodríguez, P. J. J. García, Z. Á. M., y Velasco, G. (2019). RIQUEZA ALÉLICA DE POBLACIONES NATIVAS DE JITOMATE (*Solanum lycopersicum* L.) PARA EL MEJORAMIENTO GENÉTICO. *Agrociencia*,3(53), 355-370.
- Núñez, C. C. A., Alia, T. I., Villarreal, F. J. M., Escobedo, L. D., Rodríguez, N. J. R., & Peña, C. V. (2017). Distribution, eco-climatic characterization and potential cultivation zones of mamey sapote in Mexico. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 23(2), 75–88. <https://doi.org/10.5154/r.rchsh.2016.05.014>
- Núñez, C. C. A., Rodríguez, P. J. E., Nieto, A. R., y Barrientos, P. A. F. (2004). Construcción de dendogramas de taxonomía numérica mediante el coeficiente de distancia X^2 : una revisión. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 10(2), 229-237.
- Rodríguez, J. P. (2017). Evaluación de técnicas de propagación por injerto del mamey colorado (*Pouteria sapota* Jacq.) en accesiones colectadas en el municipio Jagüey Grande. Universidad de Matanzas Camilo Cienfuegos. 12 p.
- Rodríguez, G. M. A., Medina, U. V. M., & Torres, T. M. I. (2021). Genetic variability in mamey (*Pouteria sapota* (Jaq.) H.E. Moore & Stearn) based on molecular markers and fruit morphology. *eCUCBA*, 16, 6–11.
- Sandoval, E., Nieto, E., Alia, I., López, V., Colinas, M. T., Martínez, A., y Guillén, D. (2006). Crecimiento del fruto de zapote mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] en Morelos, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 2(29), 59-62. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=61009810>.
- SIAP. (2023). Sistema de información agroalimentaria y pesquera. http://nube.siap.gob.mx/cierre_agricola/.
- Statistical Analysis System (SAS Institute) (1983). SAS technical report A108. Cubic clustering criterion. Cary, N.C. USA: Author. (pp,1 – 5).

- Velázquez, P. K., Alvarado, S. B., y Reyes, M. A. (2015). Historia del mamey *Pouteria sapota*. *Revista Iberoamericana de Ciencias*, 1(1), 55–64.
- Villarreal, F. J. M., Hernández, E., Pelayo, Z. C., y Franco, M. O. (2015). Caracterización postcosecha de selecciones de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn) procedentes del soconusco, Chiapas. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 2(5), 217–224.
- Villegas, M. A., Escobar, S. C. M., Arrieta, R. G., & Berdeja, A. R. (2016). Zapote Mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn], diversidad y usos. *Agroproductividad*, 9(4), 47–54.

CAPÍTULO 4. CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL PROGRESO, MÉXICO

4.1. RESUMEN

El mamey es originario del sur de México y Centro América. El estudio de la variabilidad genética de este cultivo usando marcadores moleculares de ADN ha sido escaso. En los trabajos disponibles el nivel de polimorfismo encontrado ha oscilado entre alto y bajo, todo en función del marcador utilizado y la procedencia de los individuos bajo estudio. En el presente estudio se caracterizaron 29 accesiones de mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] procedentes del municipio de Cuetzala del Progreso, Gro. Con el objetivo de conocer su variabilidad genética, se usaron 21 iniciadores ISSR, los cuales proporcionaron un total de 181 bandas con un 70.2 % de nivel de polimorfismo. Las distancias genéticas de Jaccard (1-S) entre pares de accesiones oscilaron entre 0.00 y 1.04. El análisis de agrupamiento mediante la varianza mínima de Ward permitió identificar tres grupos asociados con las formas del fruto. El análisis de coordenadas principales permitió confirmar la formación de tres grupos bien definidos. El análisis de varianza (AMOVA) mostró que la variabilidad genética molecular dentro de poblaciones fue muy importante (95.76 %), mientras que la variación entre poblaciones fue muy baja (4.24 %). Los iniciadores que más bandas amplificaron fueron LOL2, ISSR1, UBC822, y UBC847. Sin embargo, los marcadores con mayor contenido de información polimórfica fueron ISSR7, UBC848, 17898B, PIO4, UBC815 y UBC841. Asimismo, los iniciadores ISSR7, UBC848, 1789A y UBC815 fueron los que mostraron un mayor grado de confiabilidad en la diferenciación genética entre accesiones de mamey.

Palabras clave: Análisis de agrupamiento, *Pouteria sapota*, Polimorfismo, ISSR, Variabilidad genética.

MOLECULAR CHARACTERIZATION OF MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] IN CUETZALA DEL PROGRESO, MEXICO

4.2. ABSTRACT

Mamey crop is native to southern Mexico and Central America. The study of genetic variability using DNA has been scarce. Available studies had found that the level of polymorphism ranged from low to high, depending on the type or marker used and the origin of materials under study. In this research, 29 accessions of mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn] cultivated at the Cuetzala del Progreso, Gro. Were characterized to know their genetic variability using 21 ISSR markers. They produced 181 bands with a 70.2 % of polymorphism. Jaccard's genetic distances (1-S) between pairs of accessions ranged from 0.00 to 1.04. Grouping analysis using Ward's minimum variance technique identifies three different groups associated to fruit shape. The analysis of principal coordinates also confirmed the formation of three well-defined groups. The analysis of molecular variance (AMOVA) showed that the greatest proportions was allocated within populations (95.76 %), while variability among groups was very low (4.24 %). Markers that produced high numbers of bands were LOL2, ISSR1, UBC822, and UBC847. However, markers with high content of genetic information were ISSR7, UBC848, 17898B, PIO4, UBC815 and UBC841. In addition, markers with high reliability for genetic differentiation of mamey accessions were ISSR7, UBC848, 17898A, and UBC841.

Key words: Cluster analysis, *Pouteria sapota* Polymorphism, ISSR, Genetic variability.

4.3. INTRODUCCIÓN

Las regiones tropicales albergan una gran diversidad de árboles frutales que durante siglos han proporcionado alimento y medicina al hombre; estos árboles incluyen al menos 1,000 especies reportadas en América, 1,200 en África y 500 en Asia (Paull y Duarte 2012; Normah et al., 2013; Awodoyin et al., 2015; Martínez-Castillo et al., 2019). A pesar de su importancia, se sabe poco sobre la diversidad genética de muchos árboles frutales tropicales (Jamnadass et al., 2009; Martínez-Castillo et al., 2019). Dicha información no sólo es crítica para comprender la vulnerabilidad genética de estas especies, sino que también podría usarse para implementar estrategias de manejo y conservación, particularmente en los centros de origen de los cultivos de frutas tropicales donde coexisten poblaciones silvestres y cultivadas (Martínez-Castillo et al., 2019).

El estudio de la diversidad genética del mamey se ha basado principalmente en la caracterización morfológica y bioquímica de materiales cultivados (Espinosa-Zaragoza et al., 2005; Bañuelos-Jiménez y Ochoa 2006; Gaona-García et al., 2008; Nascimento et al., 2008). En los últimos años, los estudios de mamey han incorporado el uso de marcadores moleculares dominantes RAPD y AFLP, al igual que marcadores SRR, ISTR e ISSR. La propagación por semilla del cultivo de mamey ha favorecido la presencia de índices de diversidad genómica altos; dichos materiales que presentan características morfológicas y agronómicas dominantes son el resultado de ello, misma que a través de selección y su respectiva propagación clonal podría permitir su registro como variedades cultivadas (Azurdia et al., 1997).

En México, el mamey es de importancia económica y social, y por ser centro de origen de la especie muestra una gran diversidad genética. Por lo anterior, el objetivo del presente estudio fue determinar los niveles de variabilidad genética en accesiones procedentes del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, mediante el uso de marcadores moleculares de ADN tipo ISSR.

4.4. MATERIALES Y MÉTODOS

4.4.1. Localización del área experimental

La presente investigación se efectuó en el Laboratorio de Mejoramiento Genético Asistido situado en el Departamento de Fitotecnia perteneciente a la UACH, México, localizada en el km 38.5 Carr. México - Texcoco, Estado de México, coordenadas entre los paralelos 19°29' y 19°30' de latitud norte y los meridianos 98°50' y 98°54' de longitud oeste, con altitud de 2250 msnm, con temperatura media anual de 15.9 °C y una precipitación media anual de 680 mm (Barrios y Magnealy, 2006).

4.4.2. Material Experimental

Se colectaron muestras de hojas jóvenes visiblemente sanas de 29 árboles adultos de mamey previamente identificados, procedentes de plantaciones del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero. Al momento de la colecta el material vegetal se desinfectó utilizando sanitas y alcohol etílico al 70 %, se colocó en bolsas de plástico Ziploc debidamente identificadas y se colocaron en una hielera (10 °C). Las muestras fueron trasladadas a la UACH y se mantuvieron en un ultracongelador (-50 °C) hasta su posterior procesamiento.

4.4.3. Extracción de ADN

La extracción del ADN se llevó a cabo con el método CTAB, a la cual se le incorporó PVP y ácido ascórbico al 0.1 %. Se realizaron siete repeticiones por muestra y fue necesario fenolizar con el objeto de eliminar los metabolitos secundarios presentes en las hojas de este cultivo.

Se pesaron 10 g de tejido vegetal, el cual se colocó en un mortero, donde se agregó nitrógeno líquido al punto de cubrir por completo el material vegetal. Con ayuda de un pistilo se pulverizó hasta conseguir un polvo fino, para después ser transferido con ayuda de una espátula a un microtubo de 1.5 mL, el cual contenía 800 µL de amortiguador de extracción CTAB y mercaptoetanol ambos en una concentración de 0.2 % (20 µL de amortiguador); la mezcla obtenida se agitó por inversión hasta homogenizar, ésta se calentó a 65 °C durante 20 minutos, para luego dejarse enfriar a temperatura ambiente durante 10 minutos. Posteriormente, se centrifugó a 21,000 xg en un tiempo de 20 minutos, el sobrenadante se trasladó a otro microtubo de 1.5

mL al que se le añadió 4 μ L de ARNasa y se dejaron reposar durante 20 minutos a 37 °C. Una vez transcurrido el tiempo se agregó cloroformo: alcohol isoamílico (24:1), se agitó suavemente por inversión durante 2 minutos y se centrifugó a 21,000 xg durante 10 minutos. Se separó la fase acuosa (superior) en otro microtubo de 1.5 mL, se agregaron 500 μ L de isopropanol frío, se agitó por inversión suavemente, para posterior colocarlos a -20 °C durante 30 minutos. Transcurrido el tiempo se centrifugó a 21,000 xg durante 10 minutos, se decantó el sobrenadante cuidadosamente para no perder el precipitado (pastilla de ADN) y se dejó escurrir sobre una toalla sanitaria. Finalmente, los microtubos se secaron a 40 °C durante 15 minutos, esto, con la finalidad de evaporar el alcohol, y una vez concluido el tiempo se disolvió la pastilla en 77.5 μ L de TE, mismas que fueron almacenadas a 4 °C durante 24 horas.

4.4.4. Fenolización

Culminado el tiempo de almacenamiento, las siete repeticiones de cada muestra se concentraron en un sólo microtubo de 1.5 mL, dando un total de 500 μ L de solución. Se agregaron 500 μ L de fenol, se diluyó por inversión durante 2 minutos y se centrifugó a 21,000 xg durante 5 minutos. Se obtuvieron dos fases, de las cuales se separó la fase acuosa en otro microtubo de 1.5 mL, una vez separada la fase se agregaron 500 μ L de cloroformo, nuevamente se agitó por inversión durante 2 minutos para homogenizar y se centrifugó a 21,000 xg durante 5 minutos. Se transfirió la fase acuosa a otro microtubo de 1.5 mL donde se agregaron 500 μ L de isopropanol, la mezcla se agitó por inversión para homogenizar y se almacenó a -20 °C durante 30 minutos.

Posteriormente se centrifugó a 21,000 xg durante 5 minutos, se decantó el sobrenadante sin perder el precipitado y se dejó escurrir sobre una toalla sanitaria. Como último paso, los microtubos se secaron a 40 °C durante 15 minutos, con la finalidad de evaporar el alcohol, concluido el tiempo se disolvió la pastilla en 50 μ L de TE, solución que fue almacenada a 4 °C.

4.4.5. Cuantificación del ADN

La concentración del ADN se midió en un NanoDrop (Thermo Fisher Scientific, DNA Factor: 50), el cual cuantifica a una absorbancia de 260 nm, midiendo su densidad óptica en $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$, así como la pureza, la cual se estimó a partir de la relación absorbancia a 280 nm y 260 nm (Cuadro 1). Con los rendimientos obtenidos de cada una de las muestras, se seleccionaron aquéllas que presentaron una concentración $>200 \text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$ de ADN, posteriormente se realizaron diluciones para obtener una concentración final de $10 \text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$.

Cuadro 1. Valores de pureza de ADN (absorbancia a 280 nm y 260 nm).

Rango de valores	Pureza
1.8 – 2	ADN pureza óptima
1.6 – 1.8	ADN pureza aceptable
< 1.6	Presencia de compuestos aromáticos
> 2.1	Contaminación con ARN
< 1.5	Contaminación sales, carbohidratos y fenoles

4.4.6. Pruebas de calidad

Para la determinación de la calidad de ADN se tomaron las muestras diluidas de cada accesión, las cuales se amplificaron con iniciadores específicos para el gen 16S, y posteriormente se realizó electroforesis. En la mezcla de reacción de PCR se utilizó $2.5 \mu\text{L}$ de ADN ($10 \text{ ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$) y $22.5 \mu\text{L}$ de la mezcla de reacción, la cual contenía lo señalado en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Componentes de la mezcla de reacción en cadena de la Taq ADN polimerasa (PCR) para el gen endógeno 16S.

Componentes de la mezcla	Suministro	Volumen total (μL)
H ₂ O grado biología molecular		179.8
dNTP's	500 μM	290.0
Amortiguador	10X	72.5
MgCl ₂	25 mM	43.5
Iniciador		
➤ 16S' 1	10 $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$	29.0
➤ 16S'2	10 $\text{ng}\cdot\mu\text{L}^{-1}$	29.0
Taq ADN polimerasa	5 $\text{u}\cdot\mu\text{L}^{-1}$	8.7
ADN	2.5 μL	2.5

La electroforesis se realizó en geles de agarosa al 1.8 % previamente gelificados, mismos que se sumergieron en amortiguador de corrimiento TAE 0.25 X (Tris-base 2 M, ácido acético glacial 50 mM aproximadamente EDTA 50 mM). Se cargaron las muestras en el gel tomando 10 μ L de ADN y 2 μ L de buffer de bromofenol (sacarosa 65 %, Tris-HCl pH 7.5 10 mM, EDTA 10 mM, azul de bromofenol 0.3 %) depositadas en cada uno de los pozos; posteriormente, se conectó a la fuente de energía (Thermo EC105) utilizada en electroforesis, el voltaje fue de 140 voltios durante 40 minutos, la corriente se interrumpió una vez que el colorante se desplazó las dos terceras partes del gel. Éste se extrajo y se colocó en una solución de bromuro de etidio (0.5 μ g/mL) durante 20 minutos para teñirlo, trascurrido el tiempo, el gel se colocó en el transiluminador de un fotodocumentador DigiDoc-it Imaging System (marca UVP) y se documentó con una cámara Kodak EDAS 290.

4.4.7. PCR y Electroforesis

Para el presente trabajo se utilizaron en primera instancia 45 iniciadores, de los cuales se seleccionaron los 21 que presentaron mayor polimorfismo (Cuadro 3).

Cuadro 3. Secuencia de alineamiento y temperatura de los ISSR.

Iniciador	Secuencia 5' - 3'	T (°C)	Iniciador	Secuencia 5' - 3'	T (°C)
ISSR-1	(CA) ₈ AAGG	60	PIO-4	(CT) ₈ AGC	58
ISSR-5	(AC) ₈ CTA	56	UBC-815	(CT) ₈ G	52
ISSR-7	(AG) ₈ CTG	58	UBC-817	(CA) ₈ A	50
LOL-2	(CT) ₈ GC	56	UBC-822	(TC) ₈ A	50
LOL-7	(GA) ₆ CC	44	UBC-828	(TG) ₈ A	50
LOL-9	(CAC) ₃ GC	38	UBC-841	(GA) ₈ CTC	58
Echt-5	(AGAC) ₂ GC	42	UBC-844	(CT) ₈ AC	54
17898-B	(CA) ₆ GT	42	UBC-845	(CT) ₈ AGG	54
17898-A	(CA) ₆ AG	42	UBC-847	(CA) ₈ AGC	52
PIO-2	(CA) ₆ AGG	46	UBC-848	(CA) ₈ AGC	54
PIO-3	AGCT(GACA) ₃				

Para las reacciones en cadena de la *Taq* polimerasa (PCR), se preparó una mezcla de reacción madre con los componentes descritos en el Cuadro 4. Las reacciones se llevaron a cabo en tubos Eppendorf de 1.5 mL, de los cuales se tomaron 22.5 μ L de la mezcla de reacción los cuales se colocaron en tubos Eppendorf de 0.2 mL, adicionando posteriormente 2.5 μ L de ADN, dando un volumen total de 25 μ L por accesión.

Cuadro 4. Componentes de la mezcla para PCR.

Componentes de la mezcla	Suministro	[Final]	Volumen total (µL)
H ₂ O grado biología molecular	-----	-----	111.0
dNTP's	500 µM	200 µM	300.0
Amortiguador	10X	1X	75.0
MgCl ₂	25 mM	3Mm	90.0
Iniciador	10 ng/µL	30 ng/reac	90.0
Taq ADN polimerasa	5 u·µL ⁻¹	1.5 u/reac	9.0
ADN	2.5 µL	25 ng/reac.	2.5

Las mezclas de reacción se homogenizaron por inversión y consecuentemente se colocaron en un termociclador (Veriti Applied Biosystems®). Las condiciones para llevar a cabo la amplificación fueron las siguientes: ciclo uno pre-desnaturalización del ADN 1 minuto a 93 °C; 40 ciclos consecutivos dividido en tres etapas: desnaturalización del ADN a 93 °C durante 1 minuto, alineación con la temperatura específica del iniciador durante 1 minuto y un ciclo de extensión a 72 °C durante 20 segundos; finalmente un ciclo de extensión a 72 °C durante 6 minutos. Culminado el tiempo de amplificación en el termociclador los amplicones obtenidos fueron separados por electroforesis en geles de agarosa al 1.8 %, los cuales se sumergieron en amortiguador de corrimiento TAE 0.25 X (Tris-base 2 M, ácido acético glacial 50 mM aproximadamente EDTA 50 mM). Se cargaron las 29 muestras en el gel tomando 10 µL de ADN adicionando 2.0 µL de buffer de bromofenol (sacarosa 65.0 %, Tris-HCl pH 7.5 10 mM, EDTA 10 mM, azul de bromofenol 0.3 %) depositadas en cada uno de los pozos, mientras que en los extremos se cargó un marcador de 1 kb (DNA Ladder Thermo Fisher Scientific™).

Posteriormente, se conectó a la fuente de energía (Thermo EC105) el voltaje fue de 145 voltios durante 45 minutos, la corriente se interrumpió una vez que el colorante se desplazó las dos terceras partes del gel, se extrajo y se colocó en una solución de bromuro de etidio (0.5 µg/mL) durante 20 minutos para teñirlo, posteriormente, el gel se colocó en el transiluminador de un fotodocumentador DigiDoc-it Imaging System™ (UVP) y se documentó con una cámara Kodak EDAS 290.

4.4.8. Análisis Estadístico

Se midió el número de bandas derivadas para cada iniciador y se les estableció un valor de 0 a la ausencia y 1 a la presencia de cada banda; con dichos valores se fundó la matriz básica de datos (MBD). Se procedió a determinar las distancias utilizando el coeficiente de Jaccard ($1 - S$) entre las colectas. Bajo el método de Ward (análisis de agrupamiento) de varianza mínima se elaboró el dendrograma respectivo. La altura de corte se determinó con base en la pseudoestadística T^2 de Hotelling (Hotelling, 1951) y la pseudo F (Johnson, 1998) usando el programa estadístico de SAS, ver 9.4.

Para corroborar el número de grupos obtenidos en el dendrograma se llevó a cabo un Análisis de Coordenadas Principales. Asimismo, con el objetivo de explorar la estructura jerárquica de la variación genética entre accesiones se realizó un análisis molecular de varianza (AMOVA). Adicionalmente se obtuvo la descriptiva de los diferentes iniciadores obteniéndose las siguientes variables. Estos análisis se llevaron a cabo bajo el paquete Infogen®.

4.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.5.1. Análisis de agrupamiento

A través de la matriz básica de datos (MBD) se calcularon las distancias génicas utilizando el coeficiente de Jaccard ($1 - S$) en las pares de colectas de mamey las cuales oscilaron entre 0.00 y 1.04. Luego se procedió a realizar un análisis de agrupamiento mediante el método de varianza mínima de Ward obteniendo el dendrograma respectivo (Figura 1).

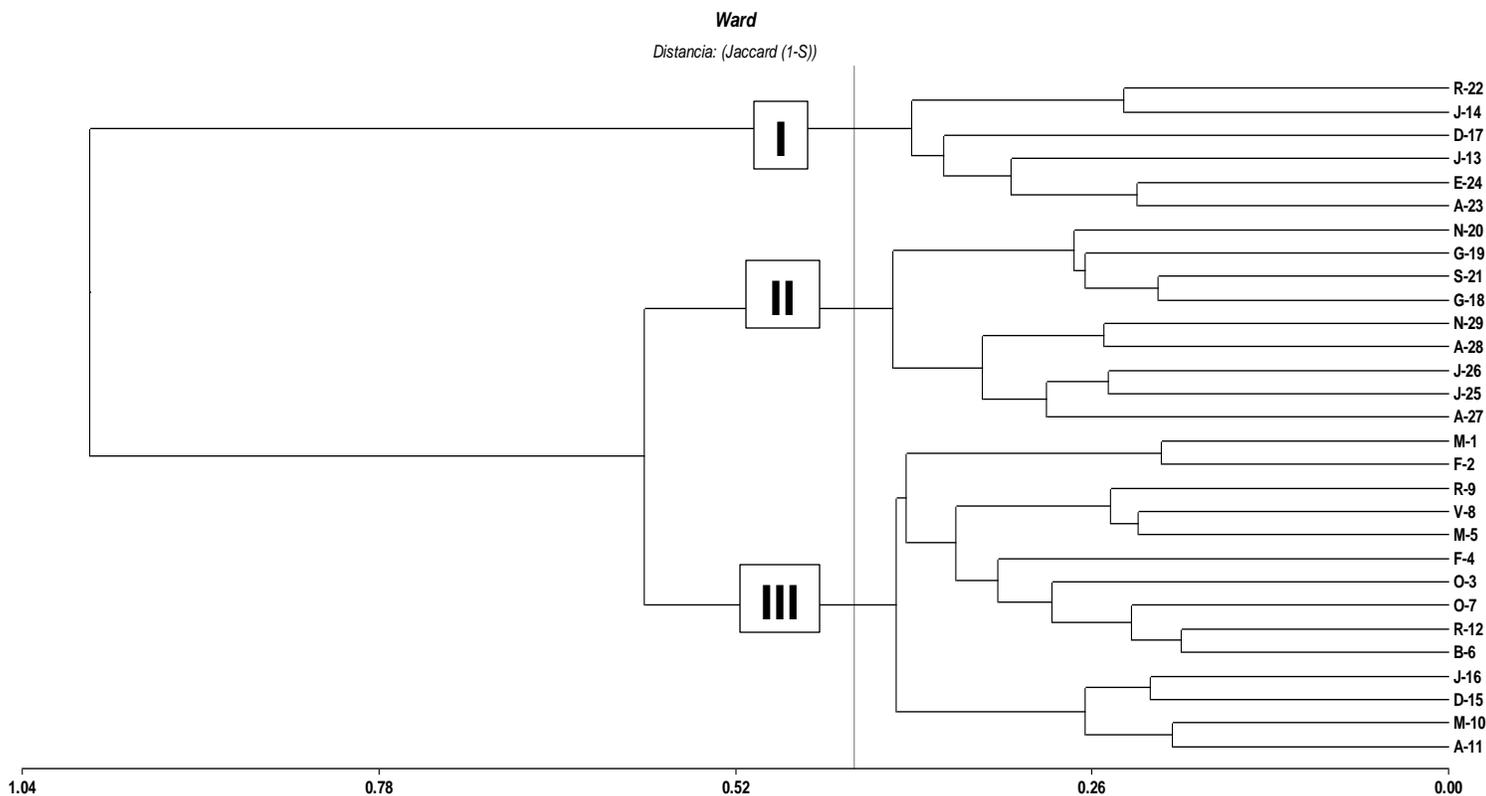


Figura 1. Dendrograma de 29 colectas de mamey obtenido con la distancia genética de Jaccard (1-S) mediante el método de varianza mínima de Ward.

Con base en la pseudoestadística t^2 de Hotelling, se determinó la altura de corte en el dendrograma con un valor de 0.434 r^2 semiparcial con el cual se formaron tres grupos: el grupo I con 6 accesiones, el grupo II con 9 accesiones y el grupo III con las 14 accesiones restantes.

El grupo I estuvo conformado por las accesiones R-22, J-14, D-17, J-13, E-24 y A-23, que presentaron cierta similitud morfológica en sus frutos en relación al grosor del epicarpio y mesocarpio, peso y longitud de semillas, firmeza y color de pulpa y por último presentaron el mayor contenido de °Brix en relación a los demás grupos, los cuales se asociaron a una distancia de 0.392. Estos caracteres se pueden apreciar en el agrupamiento y descripción obtenido en el capítulo anterior de esta tesis. Cabe resaltar que las accesiones R-22 y J-14 fueron las más lejanas genéticamente del resto, los cuales se asociaron a una distancia de 0.238. El grupo II se conformó por las accesiones N-20, G-19, S-21, G-18, N-29, A-28, J-26, J-25 y A-27 con una distancia de asociación de 0.405, las cuales compartieron características morfológicas de sus

frutos, destacando frutos pesados, mayor grosor en mesocarpio, (uno a tres) peso y longitud de semillas, largos y anchos, grosor de epicarpio y °Brix menor en comparación con el grupo I (datos reportados en el capítulo anterior de esta tesis). El resto de las 14 accesiones, las cuales integraron el grupo III, presentaron una distancia de asociación de 0.396, destacándose en su mayoría por presentar frutos pequeños en comparación con los dos grupos anteriores, así como un bajo contenido de °Brix. Cabe destacar que las accesiones R-12 y B-6 fueron las que presentaron la mayor cercanía genética entre sí (0.196).

Los resultados obtenidos en este estudio difieren de lo reportado por Chepe-Cruz (2022), quien al analizar 107 muestras de mamey provenientes de diez municipios de la Sierra Nororiental de Puebla mediante cinco marcadores ISSR encontró distancias genéticas reducidas entre 0.01 y 0.05, con la formación de sólo dos grupos principales. Por su parte Rodríguez-Gaytán et al. (2021) analizaron 30 accesiones procedentes de Colima y 8 accesiones de Yucatán con marcadores ISTR e ISSR calcularon el índice de similitud de Jaccard el cual fue de 0.33 a 0.51 y con el método UPGMA obtuvieron un dendrograma que separó cinco grupos de mamey por origen geográfico.

Ibarra (2012) trabajando con accesiones provenientes de la Cañada de Huamuxtitlán, Gro. y mediante el uso de marcadores RAPDs obtuvo un dendrograma que las distribuyó en seis grupos a una distancia genética de 0.80. Arellano (2012) menciona que mediante el uso de marcadores AFLPs en el análisis de 12 selecciones de mamey procedentes de Puebla, Veracruz y Yucatán, así como tres especies de la familia de las sapotáceas, generó un dendrograma con la formación de ocho grupos, los cuales no se formaron con base en su origen geográfico. Más bien éstos se agruparon con base en las características del fruto como pesos del fruto, mesocarpio, epicarpio, semilla y longitud del fruyo, asemejándose a los resultados obtenidos en el presente estudio. Adicionalmente, los marcadores sí fueron efectivos para separar genéticamente las cuatro especies de sapotáceas diferentes al mamey.

4.5.2. Análisis de coordenadas principales

Para explorar espacialmente la distribución de la variabilidad genética de las diferentes accesiones de mamey estudiadas se realizó el análisis de coordenadas principales

usando la distancia Jaccard (1-S) mediante el programa Infogen®. En la figura 2 se aprecia claramente la formación de tres grupos bien definidos. El grupo I estuvo integrado por las accesiones R-22, J-14, D-17, J-13, E-24 y A-23; el grupo II con los árboles N-20, G-19, S-21, G-18, N-29, A-28, J-26, J-25 y A-27, mientras que el grupo III estuvo formado con los árboles M-1, F-2, R-9, V-8, M-5, F-4, O-3, O-7, R-12, B-6, J-16, D-15 M-10 y A-11, de manera que se corrobora la agrupación obtenida en el dendrograma. Adicionalmente se observa que el grupo I conformado exclusivamente por las accesiones R-22 y J-14 las cuales se alejan genéticamente del resto, por lo que sería de interés explorar la posibilidad de realizar hibridaciones con el objetivo de buscar mayor heterosis.

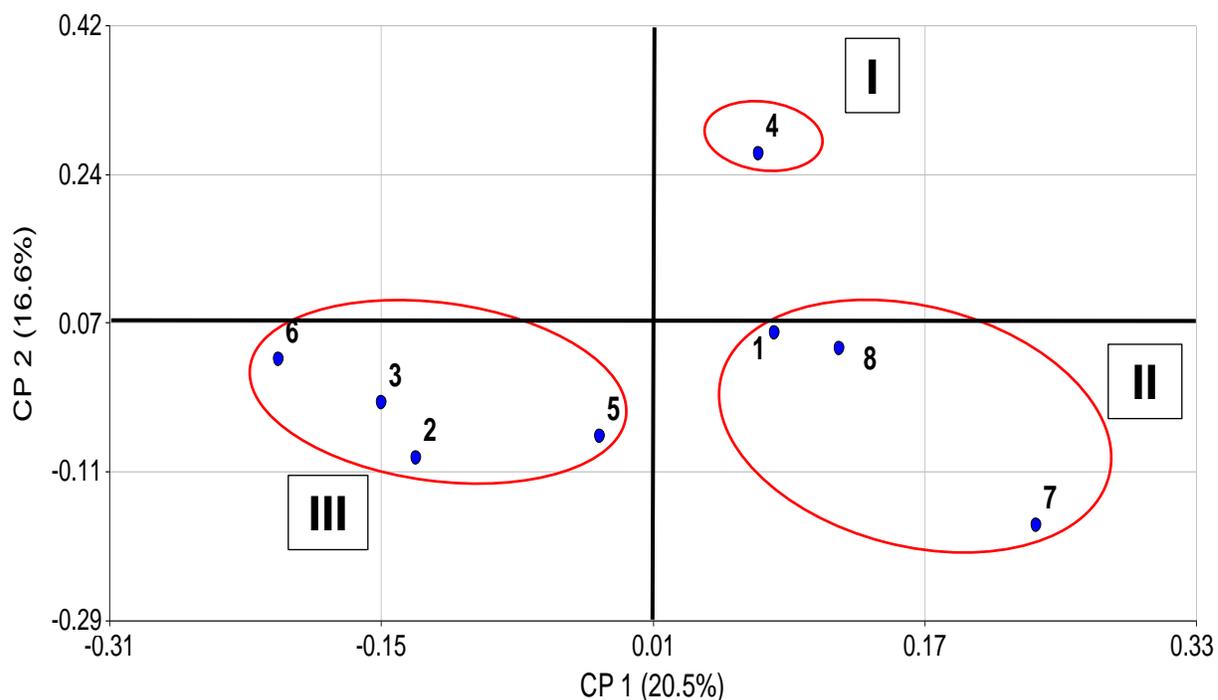


Figura 2. Análisis de coordenadas principales de 29 UBCs de mamey del estado de Guerrero.

4.5.3. Análisis molecular de varianza

La estructura jerárquica de la variabilidad genética entre árboles fue explorada mediante un análisis de varianza (AMOVA) (Cuadro 5). Los resultados obtenidos muestran que la variabilidad genética molecular entre las poblaciones fue muy baja

(4.24 %), localizándose en mayor medida dentro de poblaciones (95.76 %) lo que sugiere que dentro de un programa de mejoramiento genético de este cultivo sería recomendable realizar la selección de las accesiones con las mejores características dentro de grupos con la finalidad de desarrollar nuevas variedades. Estos resultados concuerdan con los obtenidos por Chepe (2022), quien también encontró que la mayor varianza (97 %) se encuentra dentro de las poblaciones analizadas.

En otro estudio llevado a cabo con dos poblaciones de *Pouteria sapota* en Guatemala también se encontró que la mayor variabilidad genética se localizó dentro de las poblaciones, como sería de esperarse al tratarse de una especie alógama. Estos resultados difieren de los obtenidos por Arias et al. (2015) quienes reportan altos niveles de flujo genético “entre poblaciones” (74.1 %) entre accesiones silvestres y cultivadas en el sur de México. Ellos sugieren que esto se debe al proceso de domesticación en arboles cultivados propagados vegetativamente dando como resultado poblaciones que no divergen significativamente de su progenitor silvestre.

Cuadro 5. Análisis molecular de varianza de 29 colectas de mamey en base a sus perfiles moleculares ISSR.

F.V.	SC	gl	CM	p-valor	Comp. Var.	Porcentaje
Entre poblaciones	175.42	7	25.06	0.060	0.97	4.24
Dentro de poblaciones	436.98	20	21.85	0.060	21.85	95.76
Total	612.39	27	22.68		22.82	100.00

F.V.: Fuentes de variación. S.C.: Sumas de cuadrados. C.M.: Cuadrados medios.

4.5.4. Descriptiva de marcadores

La descriptiva de los 21 iniciadores manejados en la presente investigación para adquirir los perfiles moleculares de las 29 accesiones de mamey, obtenida mediante el programa Infogen[®] se muestran en el Cuadro 6. En él se puede apreciar que ninguna de las 29 accesiones analizadas se encuentra duplicada, lo cual indica que todas las accesiones fueron diferentes y por tanto conviene mantenerlas para su eventual utilización en futuros estudios a realizar en este cultivo.

Cuadro 6. Bandas polimórficas, monomórficas, totales, proporción de loci polimórficos, contenido de información polimórfica, error estándar, porcentaje de amplificación y probabilidad de que dos individuos compartan el mismo alelo por azar obtenidos con catorce iniciadores ISSRs en 29 colectas de mamey.

INICIADOR	B.P.	B.M.	B.T.	P.M.F. (95)	P.I.C.	E.E.	A.M.P.	PDICMA
ISSR1	10	3	13	0.77	0.25	0.02	55.17	9.9E-07
ISSR5	6	4	10	0.60	0.29	0.03	64.83	3.6E-06
ISSR7	5	5	10	0.50	0.37	0.01	72.07	1.1E-06
LOL2	12	1	13	0.85	0.25	0.03	61.01	7.7E-08
LOL7	5	3	8	0.63	0.27	0.02	72.41	5.2E-06
LOL9	7	4	11	0.64	0.28	0.02	57.05	3.7E-06
Etch5	3	3	6	0.50	0.29	0.01	78.16	5.1E-05
17898B	5	2	7	0.71	0.31	0.03	64.53	4.3E-08
17898A	5	2	7	0.71	0.29	0.01	72.28	1.7E-07
PI02	6	3	9	0.67	0.29	0.03	63.22	3.9E-07
PI03	6	4	10	0.50	0.22	0.04	77.93	8.9E-05
PI04	5	4	9	0.66	0.31	0.03	61.30	4.8E-06
UBC815	4	4	8	0.50	0.31	0.02	71.98	1.9E-05
UBC817	8	1	9	0.67	0.27	0.04	56.32	6.4E-09
UBC822	9	1	10	0.90	0.27	0.03	66.55	6.1E-10
UBC828	4	3	7	0.29	0.16	0.03	91.63	2.6E-03
UBC841	4	3	7	0.57	0.31	0.02	77.34	2.5E-06
UBC844	3	2	5	0.60	0.24	0.02	74.48	3.9E-05
UBC445	3	2	5	0.60	0.25	0.02	71.03	4.0E-05
UBC847	9	0	9	0.89	0.28	0.03	58.62	9.3E-12
UBC848	8	0	8	1.00	0.32	0.01	41.38	1.6E-15
Total	127	54	181				65.91	4.3E-135

Los 21 iniciadores utilizados fueron polimórficos (100 %), de los cuales, los que más bandas amplificaron fueron LOL2 (12 bandas) con un 61.0 % a través de colectas, ISSR1 (10 bandas) con un 55.2 %, UBC822 (9 bandas) con un 66.6 %, y UBC847 (9 bandas) con un 58.6 % de amplificación a través de las 29 accesiones de mamey. Los mayores valores de contenido de información genética (PIC) se obtuvieron con los iniciadores ISSR7, UBC848, 17898B, PIO4, UBC815 y UBC841, por lo que al ser los más informativos podrían ser de gran utilidad en estudios posteriores sobre caracterización molecular en mamey. En cuanto a la menor probabilidad de que dos individuos compartan el mismo alelo por azar, ésta se presentó en los iniciadores ISSR7, UBC848, 17898A y UBC815. Estos resultados indican un alto grado de confiabilidad en estos iniciadores para realizar la diferenciación genética entre

accesiones en el cultivo de mamey. Por otra parte, los iniciadores que presentaron la menor capacidad discriminatoria y contenido de información polimórfica fueron UBC829, PIO3 y UBC844.

Con el uso de 21 iniciadores ISSR se obtuvo un total de 181 bandas, de las cuales 127 resultaron polimórficas, lo que representó un 70.2 % de nivel de polimorfismo. El alto número de bandas polimórficas representa una elevada tasa de variabilidad genética dentro de la población (Rodríguez *et al.*, 2021). Esto probablemente se deba a que la mayoría de los individuos establecidos en los huertos comerciales del municipio de Cuetzala del Progreso hayan sido producidos a partir de semilla. Estos resultados concuerdan con lo encontrado en poblaciones de mamey provenientes de Colima por Rodríguez *et al.* (2021), quienes mediante el uso de ISTR e ISSR encontraron porcentajes de polimorfismo entre 93.13 % y 86.1 %.

Por su parte Arellano (2012) usando marcadores tipo AFLP's en selecciones de mamey provenientes de huertos ubicados en el norte de Puebla, norte de Veracruz, Sierra de Guerrero y occidente de Yucatán, sólo encontró un 27.81 % de polimorfismo a pesar de la diferente procedencia geográfica de los materiales evaluados.

Por su parte Ibarra (2012) usó marcadores RAPDs para explorar la variabilidad genética de materiales de mamey procedentes de la Cañada de Huamuxtitlán, Gro. encontrando 87 % de polimorfismo. Rodríguez-Rojas *et al.* (2012) utilizando también la técnica de RAPDs en accesiones de mamey provenientes del Estado de Morelos obtuvieron 82.4 % de polimorfismo. El uso de marcadores moleculares microsatélites en la caracterización genética de accesiones de mamey fue realizado por Chepe (2022), quien mediante el uso de cinco pares de iniciadores en 107 muestras de mamey procedentes de 10 municipios de la Sierra Nororiental del Puebla sólo encontró 47 % de polimorfismo.

De igual forma Martínez-Castillo y colaboradores (2019) al estudiar ocho poblaciones silvestres y cinco cultivadas de mamey procedentes del sureste de México utilizando ocho loci microsatélites SSR obtuvieron también una baja variabilidad genética (0.41). Lo mismo ocurrió cuando Arias y colaboradores (2015) usando las mismas parejas de iniciadores SSR sólo encontraron 0.36 de variabilidad genética. Por su parte Blancarte

(2014) usando diferentes loci SSR en la caracterización de accesiones provenientes de los estados de Tabasco y Chiapas obtuvo 0.55 de variabilidad entre ellas.

En resumen, los resultados obtenidos en el presente estudio (70.2 % de polimorfismo) en 29 muestras procedentes del Estado de Guerrero indican que el uso de marcadores moleculares tipo ISSRs representa una alternativa recomendable para el estudio de la variabilidad del mamey en comparación a los SSRs.

4.6. CONCLUSIONES

Los marcadores moleculares de ADN tipo ISSRs fueron efectivos para discriminar entre accesiones de mamey, así como para estimar la variabilidad genética presente, resultados que pueden ser de utilidad para futuros programas de conservación y mejoramiento genético del cultivo.

Los iniciadores ISSR7, UBC848, 1789A y UBC815 fueron los que mostraron un mayor grado de confiabilidad para la diferenciación genética entre accesiones de mamey.

4.7. LITERATURA CITADA

- Arias, R. S., Martínez, C. J., Sobolev, V. S., Blancarte, J. N. H., Simpson, S. A., Ballard, L. L., Duke, M. V., Liu, X. F., Irish, B. M., & Scheffler, B. E. (2015). Development of a large set of microsatellite markers in Zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn) and their potential use in the study of the species. *Molecules*, 20(6), 11400–11417. Doi:10.3390/molecules200611400.
- Awodoyin, R., Olubode, O., Ogbu, J., Balogun, R., Nwawuisi, J., & Orji, K. (2015). Indigenous fruit trees of tropical Africa: status, opportunity for development and biodiversity management. *Agric Sci*, 6, 31–41.
- Azurdia, C., Mejía, L., y Nufio, B., (1997). Variabilidad en frutales tropicales nativos de *Pouteria*, Sapotaceae, utilizando marcadores isoenzimáticos. *Ciencia y Tecnología*, 2(1), 105- 114.
- Barrios, A. J. L., y Magnealy, C. J. (2006). Construcción de un sistema de información para la Universidad Autónoma Chapingo, utilizando imágenes de satélite de alta resolución. [Tesis de Licenciatura, Universidad Autónoma Chapingo]. <https://rchscfaVIII364.pdf>
- Blancarte-Jasso, N. H. (2014). Diversidad y estructura genética de las poblaciones silvestres de *Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore and Stearn del sureste de México. [Tesis de maestría, Centro de Investigación Científica de Yucatán. pp, 33 -56].
- Carrara, S., Campbell, R., & Schnell, R. (2004). Genetic Variation among cultivated selections of mamey sapote (*Pouteria* spp. [Sapotaceae]). *Proceedings of the Florida State Horticulture Society*, 5(117), 195-200.
- Chepe, C. G. (2022). *Caracterización molecular y morfológica de mamey (Pouteria sapota (Jacq.) en el Totonacapan México*. [Tesis de maestría en Ciencias, Universidad Intercultural del Estado de Puebla. 80 p.] https://posgrado.uiep.edu.mx/2022/Tesis/Tesis%20MC_Gabriel_Chepe_Cruz%202022.pdf

- Ibarra, E. M. E. (2012). Morfología de frutos, perfil de ácidos grasos en semilla y diversidad genética molecular en selecciones de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Morre & Stearn). [Tesis de doctorado, Colegio de Posgraduados. pp, 17 – 30].
- Jamnadass, R., Lowe, A., & Dawson, I. K. (2009). Molecular markers and the management of tropical trees: the case of indigenous fruits. *Tropical Plant Biology*, 2(1), 1–12.
- Martínez, C. J., Blancarte, J. N. H., Chepe, C. G., Nah, C. N. G., Ortiz, G. M., & Arias, R. S. (2019). Structure and genetic diversity in wild and cultivated populations of Zapote mamey (*Pouteria sapota*, Sapotaceae) from southeastern Mexico: its putative domestication center. *Tree Genetics & Genomes*, 15(61), 1-11. <https://doi.org/10.1007/s11295-019-1368-z>.
- Normah, M. N., Malik, S. K., Chaudhury, R., Salma, I., & Makeen, M. A. (2013). Conservation of tropical fruit genetic resources. In: Normah M, Chin H, Reed B (eds, pp 137–170) Conservation of tropical plant species. *Springer, New York*.
- Paull, R. E. y Duarte, O. (2012). Tropical fruits. CAB International, London. 336 p.
- Pennington, T. D. (1999). Flora Neotropica Sapotaceae. Bronx, New York. The New York Botanical Garden. 494 p.
- Rodríguez, G. M. A., Medina, U. V. M., y Torres, M. M. (2021). Variabilidad genética en mamey (*Pouteria sapota* (JAQ.) H. E. Moore & Stearn) basada en marcadores moleculares y morfología de fruto. *Ecuba*, 8(16), 6-11.
- Rodríguez, R. T. J., Andrade, R. M., Alia, T. I., López, M. V., Espinosa, Z. S., y Esquinca, A. H. (2012). Caracterización molecular de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) Moore & Stearn). *Revista de la Facultad de Agronomía*, 29, 339-354.

CAPÍTULO 5. CALIDAD POSCOSECHA DE 29 COLECTAS DE MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] EN CUETZALA DEL PROGRESO, GUERRERO, MÉXICO

5.1. RESUMEN

En el proceso de maduración durante poscosecha los frutos presentan un comportamiento genético debidamente programado, donde se involucran diferentes cambios fisiológicos, bioquímicos y sensoriales que nos permiten la aprobación de características óptimas previo a su consumo. El objetivo de la presente investigación fue evaluar la calidad poscosecha de 29 colectas de mamey provenientes del municipio de Cuetzala del Progreso, Gro., mediante parámetros bioquímicos (acidez titulable, sólidos solubles totales y vitamina C), fisiológicos (pérdida de peso y patrón de maduración), biofísicos (firmeza, color en la pulpa y cascara) y sensorial (sabor, color, aroma, fibrosidad y textura). Se obtuvieron cuatro grupos de accesiones a través de un análisis multivariado de agrupamiento, mismos que se corroboraron con apoyo de un análisis discriminante, se observó que la agrupación estuvo en función de caracteres relativos a la calidad bioquímica, fisiológica y sensorial. Las accesiones “M-5”, “M-10”, “D-15”, “D-17”, “G-19” y “N-20” de los grupos 1 y 2, así como la colecta “J-14”, poseen atributos potenciales para ser aprovechados en un programa de mejoramiento genético. Finalmente, se identificó que el grupo 4 presentó bajos valores en los parámetros bioquímicos, fisiológicos y biofísicos, sin embargo, concentra la mayor aceptación en los parámetros sensoriales.

Palabras claves: Análisis sensorial, Calidad Biofísica, Calidad bioquímica, Calidad fisiológica, *Pouteria sapota*.

POSTHARVEST QUALITY OF 29 COLLECTIONS OF MAMEY [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] IN CUETZALA DEL PROGRESO, GUERRERO, MEXICO

5.2. ABSTRACT

In the postharvest ripening process, the fruits present a duly programmed genetic behavior, where different physiological, biochemical and sensory changes are involved that allow us to approve optimal characteristics prior to consumption. The objective of the present research was to evaluate the postharvest quality of 29 mamey accessions from Cuetzala del Progreso, Gro., using biochemical parameters (titratable acidity, total soluble solids and vitamin C), physiological parameters (weight loss and pattern of maturation), biophysical (firmness, color in the pulp and peel), and sensory (flavor, color, aroma, fibrosity and texture). Four groups of accessions were obtained through a multivariate grouping analysis, which were corroborated with the support of a discriminant analysis, it was observed that the grouping was accorded to characteristics related to biochemical, physiological and sensory quality. The accessions "M-5", "M-10", "D-15", "D-17", "G-19" and "N-20" from groups 1 and 2, as well as the collection "J-14", have potential attributes to be used in a plant breeding program. Finally, it was identified that group 4 presented low values in the biochemical, physiological and biophysical parameters, however, it concentrated the greatest acceptance in the sensory parameters.

Key words: Sensory analysis, Biophysical Quality, Biochemical Quality, Physiological Quality, *Pouteria sapota*.

5.3. INTRODUCCIÓN

El mamey [*Pouteria sapota* (Jacq) H. E. Moree & Stearn] es un fruto tropical originario del sur de México y Centroamérica (López-Morales et al., 2023). Tiene potencial de comercialización en mercados internacionales debido a su sabor, textura y características nutricionales relacionadas con su alto contenido de carotenoides y compuestos fenólicos con propiedades antioxidantes (Yahia et al., 2011; Solís-Fuentes et al., 2015; Núñez-Colin et al., 2017; Soto-Caballero et al., 2021).

En México, la producción nacional para 2022 se estimó en 23,718.22 toneladas, siendo los principales estados productores Yucatán, Guerrero, Veracruz, Michoacán y Puebla los cuales aportan el 88.3 % de la producción total (SIAP, 2023). Cabe resaltar que en su mayoría dicha producción se obtiene especialmente de genotipos segregantes, causando así una alta variabilidad en la calidad de los frutos (Espinoza-Zaragoza et al., 2016).

Las plantaciones de mamey en Cuetzala del Progreso, Guerrero, se caracterizan por ser accesiones diseminadas por semillas, lo que ha generado una amplia diversidad genética con diferentes características organolépticas, agronómicas y morfológicas. El comportamiento de la madurez poscosecha en los frutos, es un proceso genético debidamente coordinado, en el cual se involucran cambios fisiológicos, bioquímicos y sensoriales que nos llevan a la aprobación de características idóneas para ser consumido (Brady 1987; Villareal-Fuentes et al., 2015). La falta de conocimientos de los agricultores de la zona, respecto al manejo agronómico, desarrollo de nuevas variedades, problemas de almacenamiento, susceptibilidad a plagas y enfermedades, y duración de vida de anaquel, entre otros, son las causas principales que dificultan el manejo poscosecha del producto.

Por lo anterior el objetivo de la presente investigación fue evaluar la calidad poscosecha en frutos de 29 colectas de mamey del municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero, para identificar las de mejores características de frutos.

5.4. MATERIALES Y MÉTODOS

5.4.1. Sitio del muestreo

La colecta se realizó en la localidad de Cuetzala del Progreso, Guerrero, México, ubicado en los ejes latitud norte 17° 53' 34" y 18° 19' 03", y 99° 43' 17" y 99° 54' 26" de longitud oeste; las condiciones edafoclimáticas son de dos tipos: cálido subhúmedo, con temperatura media anual de 22 °C, y el subhúmedo semicálido, con la misma temperatura media anual y precipitación media anual de 1000 mm. Los tipos de suelo predominantes son chernozem o negro, que se caracterizan por su alto contenido de calcio a profundidades de 60 a 90 cm y la región se encuentra a una altitud de 1120 msnm (GRO-CULTURA, 2018).

5.4.2. Localización del sitio experimental

El estudio se realizó en el Laboratorio de Fruticultura II del Departamento de Fitotecnia en la Universidad Autónoma Chapingo, México, localizada en el km 38.5 de la carretera México - Texcoco, Estado de México.

5.4.3. Material Experimental

Se cosecharon 145 frutos de 29 colectas provenientes de árboles adultos de plantaciones comerciales de mamey establecidas en el municipio de Cuetzala del Progreso, Guerrero. Los frutos presentaron el mismo índice de maduración al momento de la colecta, es decir coloración rosa a rojo-claro de la pulpa, lo que se corroboró removiendo la cáscara del fruto en la parte basal y apical.

5.4.4. Variables de estudio

Se evaluaron variables bioquímicas, fisiológicas, biofísicas y análisis sensorial de la siguiente manera:

5.4.5. Variables Bioquímicas

5.4.5.1. Acidez titulable

Con base en el método A.O.A.C. (1990), se licuaron 10 gramos de pulpa en 50 ml de agua destilada; se midió el volumen total del extracto y se transfirió a vasos de vidrio (colado), donde se agregaron dos gotas de fenoftaleína como indicador, y finalmente se tituló con NaOH al 0.01 N. Los datos se reportan como porcentaje de ácido.

5.4.5.2. Sólidos solubles totales (° Brix)

Se licuaron 10 g de pulpa en 50 ml de agua destilada de donde se tomó una muestra con un gotero que se colocó en la lente de un refractómetro digital marca ATAGO® - Pocket Pal-1 (0 – 53 %); los resultados se expresaron en unidades ° Brix.

5.4.5.3. Vitamina C

Con base en el método Tillman, diez gramos de pulpa de mamey se homogenizaron con 50 ml de ácido oxálico (0.5 %); posteriormente se tomó una alícuota de 10 ml que se tituló con solución de Tillman hasta obtener una coloración rosa que permaneció visible durante un minuto.

5.4.6. Variables fisiológicas

5.4.6.1. Pérdida de peso

Considerando un fruto por repetición, se evaluó la pérdida de peso en 5 frutos de cada árbol colectado. La medición se efectuó todos los días (16) que duró el experimento con una balanza granataria digital marca OHAUS® - Scout™ Pro (2000 g). Las pérdidas de peso acumulativas se cuantificaron en función de la diferencia del peso inicial y peso final de la evaluación, quedando como porcentaje en relación con el valor inicial, lo que se calculó con la siguiente fórmula:

$$\text{Pérdida de peso (\%)} = \frac{\text{Peso inicial} - \text{Peso final}}{\text{Peso inicial}} \times 100$$

5.4.6.2. Patrón de maduración

Los valores se obtuvieron bajo una escala subjetiva que permitió evaluar la evolución de los frutos en cuanto al comportamiento de su madurez a través del tiempo. La escala consistió en tres categorías: frutos de textura dura al tacto, frutos en estado cambiante y frutos en estado suave (que alcanzaron la madurez de consumo). Se tomaron 5 frutos de cada colecta, donde cada fruto representó una repetición. Los valores finales se expresaron como la media ponderada (número promedio de días requeridos para obtener la madurez de consumo).

5.4.7. Variables biofísicas

5.4.7.1. Firmeza

Se valoró con un penetrómetro marca COMPACT- GAUGE- MECMESIN con una punta cónica de 9.5 mm de ancho y una longitud de 7.30 mm (capacidad 0 - 12 kg), las lecturas de cada fruto se registraron expresando sus valores en Kgf.

5.4.7.2. Color del mesocarpio y epicarpio

Con un colorímetro marca ColorTec-PCM™ se midieron los valores L^* , a^* y b^* , los cuales a través del cálculo de relación b^*/a^* se obtuvieron los cambios de color: ángulo de tono ($h = \arctan^{-1} b^*/a^*$) y cromaticidad [$C^* = (a^{*2} + b^{*2})^{1/2}$] (McGuire, 1992). Dando como resultado los valores de L^* (brillo), índice de saturación (Chroma) y ángulo de tono (Hue).

5.4.8. Análisis sensorial

Se empleó una escala subjetiva (1: Malo, 2: Regular, 3: Bueno, 4: Muy Bueno y 5: Excelente) que permitió evaluar los parámetros: Sabor, Color-Atractivo, Aroma, Fibrosidad y Textura.

5.4.9. Análisis estadístico

Con los datos obtenidos se empleó un análisis de agrupamiento partiendo del algoritmo de mínima varianza de Ward y de la matriz de distancias euclidianas, para efectuar la altura de corte se utilizó la pseudo F (Johnson, 1998), el criterio cúbico de agrupamiento (SAS, 1983) y la pseudoestadística t^2 (Hotelling, 1951). La formación de los grupos se corroboró bajo un análisis discriminante el cual consideró como variable categórica los grupos generados, el análisis permitió conocer los caracteres responsables de cada grupo. Finalmente, se realizó análisis de varianza y comparaciones de medias (Tukey $P < 0.05$) para comprobar diferencias estadísticas en los parámetros evaluados en función de los grupos identificados (SAS, 1983).

5.5. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.5.1. Análisis de agrupamiento

El dendrograma del análisis de agrupamiento realizado con las 12 variables evaluadas (Figura 1) se obtuvo con el método de varianza mínima de Ward. Bajo el criterio cúbico de agrupamiento (SAS Institute, 1983) y la pseudoestadística t^2 de Hotelling (1951), se efectuó el corte con r^2 semiparcial a la altura de 0.077 generando cuatro grupos. El número de colectas contenidas en los grupos fueron 12, 7, 5 y 5, referentemente. El método de mínima varianza de Ward valora la variación existente de las colectas y tiene como ventaja reducir la presencia de individuos atípicos al momento de la agrupación (Núñez-Colín y Escobedo-López, 2011), es por ello que fue utilizado en la presente investigación al igual que Marín-Montes et al. (2016) y Magallanes-López et al. (2020), en evaluación poscosecha de colectas nativas de tomate.

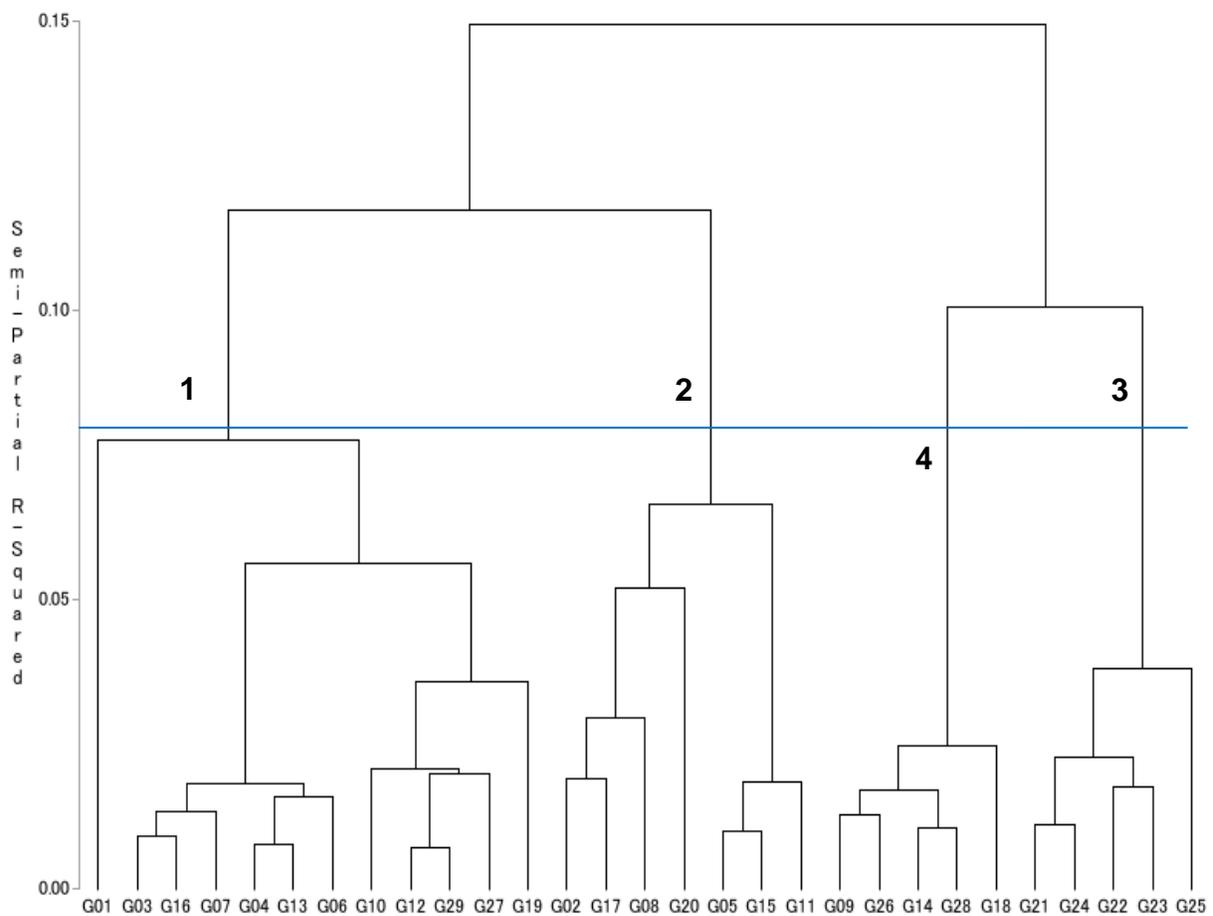


Figura 1. Dendrograma jerárquico de 29 colectas de mamey, derivado de distancias euclidianas y algoritmo de mínima varianza de Ward. G: Genotipos.

5.5.2. Análisis discriminante

Se utilizó en el análisis discriminante como variable categórica los conjuntos de accesiones elegidos por el análisis anterior, generando dos funciones discriminantes VD1 y VD2 que describen, 88.6 % de la variabilidad de los valores, con variaciones individuales de 66.3 y 22.3 %, respectivamente. Debido a que las distancias multivariadas entre centroides de grupos son diferentes de cero ($p \leq 0.01$), sugiere contraste entre los cuatro grupos de colectas; los valores de los vectores propios (Cuadro 1) definen la influencia de las variables originales sobre la clasificación referida.

Cuadro 1. Vectores propios y funciones discriminantes de cuatro grupos de mamey definidos con caracteres de calidad de fruto.

Variable	Vector propio		Función discriminante	
	VD1	VD2	VD1	VD2
Constante			-4257	-4278
Acidez titulable (% AC)	0.225	0.347	-92.761	-60.096
Sólidos solubles (° Brix)	0.625	-0.048	-2.733	-2.957
Vitamina C (%)	0.018	0.389	-3.559	-3.481
Pérdida de peso (%)	0.708	0.536	89.614	89.377
Patrón de maduración	0.610	0.605	-37.567	-36.313
Firmeza (Kgf)	0.086	-0.058	-470.532	-464.746
L* mesocarpio	0.216	-0.157	-10.664	-12.236
C* mesocarpio	0.194	-0.035	21.512	21.270
h° mesocarpio	0.140	-0.015	59.809	60.166
L* epicarpio	0.318	0.555	9.302	8.566
C* epicarpio	0.187	-0.215	71.461	70.360
h° epicarpio	-0.499	0.084	32.099	33.677
Sabor (escala 1 a 5)	-0.319	0.529	-60.263	-65.300
Color (escala 1 a 5)	0.139	0.492	119.535	128.368
Aroma (escala 1 a 5)	-0.635	0.364	157.553	158.361
Fibrosidad (escala 1 a 5)	-0.092	0.238	500.602	499.800
Textura (escala 1 a 5)	-0.440	0.582	-217.903	-210.380

Altos valores de VD1 detectaron colectas con expresión mayor en pérdida de peso, días a maduración, sólidos solubles totales y ácidos titulables, aunque baja en aroma, textura y sabor. La VD2, se asoció positivamente con los caracteres sensoriales y fisiológicos. En la Figura 2 se observa las 29 accesiones definidas a través de los resultados de VD1 y VD2, el cual percibe el 88.6 % de los valores reportados en la matriz de datos. Los resultados muestran que los grupos obtenidos contienen accesiones homogéneas dentro de ellos, pero heterogéneas entre grupos, lo que implica que la agrupación descrita en el Cuadro 2 es adecuada.

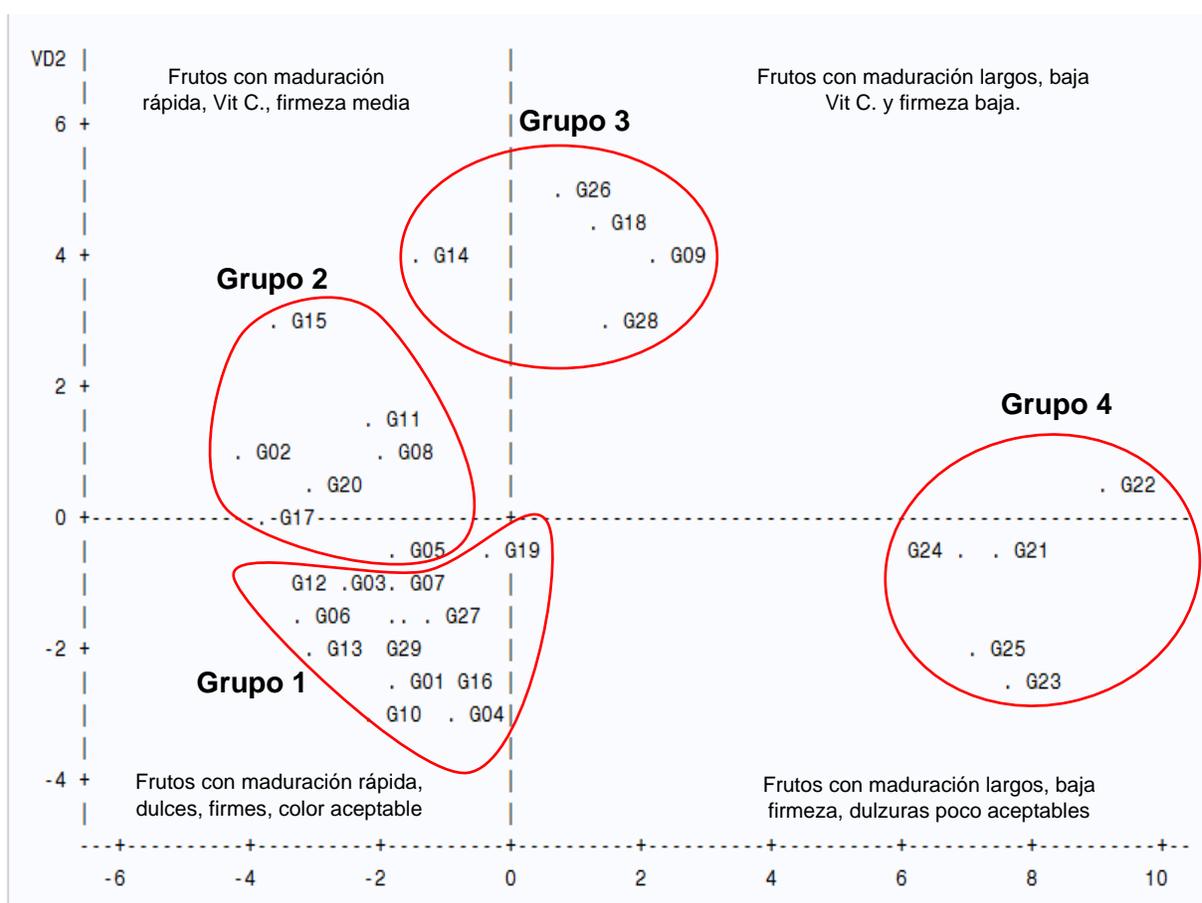


Figura 2. Representación gráfica de variables discriminantes (VD1 y VD2) de cuatro grupos de colectas de mamey de acuerdo con variables de calidad de fruto. G: Genotipos

5.5.3. Análisis de varianza

Con el análisis de varianza se observaron diferencias ($p \leq 0.05$) entre los grupos en trece parámetros, no así para los valores de Vitamina C, Firmeza, C* del epicarpio y

Fibrosidad del mesocarpio. Los resultados de las pruebas complementarias (Cuadro 3), coinciden con el análisis discriminante en virtud que los caracteres que son diferentes entre las agrupaciones de colectas presentan mayor capacidad discriminatoria.

5.5.4. Descripción de grupos

Con los análisis de agrupamiento y el análisis discriminante, los grupos se describen con las siguientes características en los frutos. En el Grupo 1 se integran 12 colectas donde hay frutos que presentan pérdida de peso menor, mismos que maduran poco después de la cosecha (4 días); además se identifican frutos con alto nivel de dulzura (SST) y acides titulable. En contraparte, el análisis discriminante reportó que las colectas de este grupo presentaron relación negativa con los caracteres sensoriales, excepto el color (atractivo), lo que pudiera deberse a la baja concentración de compuestos carotenoides presentes al momento de la maduración (Gul et al., 2015; López-Morales et al., 2023).

Cuadro 2. Grupos de las colectas es de mamey mediante variables de calidad, utilizando análisis multivariado de agrupamiento y discriminante.

Grupo	Frecuencia	Colecta	Origen	Características
1	12	M-1, O-3, F-4, B-6, O-7, M-10, R-12, J-16, G-19, A-27, N-29	Salitre Rodeo El paso	Frutos dulces, acides alta, color atractivo, firmes, aceptación sensorial media, maduración temprana y baja pérdida de peso fresco.
2	7	F-2, M-5, V-8, A-11, D-15, D-17, N-20	Salitre Mameyal Rodeo Mezatencli El paso	Maduración media, firmeza media, alto nivel de vitamina C, mayor aceptación sensorial.
3	5	S-21, R-22, A-23, E-24, J-25	El puente El paso	Días a maduración larga, baja aceptación sensorial, Vit C, SST y firmeza baja.
4	5	R-9, J-14, G-18, J-26, A-28	Rodeo Naranjastita El paso El mameyal	Días a maduración largas, sin aceptación sensorial, caracteres bioquímicos, bióticos bajos.

El Grupo 2 conformado por siete colectas, presenta la mayor aceptación sensorial, niveles altos de Vitamina C y una maduración media (7 días) después de la cosecha. El Grupo 3 y 4 se integran de cinco colectas cada uno, presentando frutos con los porcentajes más altos en pérdida de peso, días a maduración más largos y baja aceptación sensorial. El grupo 3 se diferenció por presentar valores mayores en los caracteres bioquímicos con respecto a los del grupo 4 (Cuadro 2).

Cuadro 3. Comparación de medias de 17 caracteres evaluados en 29 colectas de mamey en Cuetzala del Progreso, Guerrero.

Variable	Grupos				DMSH
	1	2	3	4	
Acidez titulable (% AC)	0.2302 a	0.2958 a	0.2962 a	0.2812 a	0.082
Sólidos solubles (° Brix)	21.72 b	22.30 b	34.80 a	23.58 b	9.856
Vitamina C (%)	114.56 a	122.66 a	118.57 a	121.96 a	12.475
Pérdida de peso (%)	5.02 b	5.13 b	10.05 a	10.55 a	2.419
Patrón de maduración	5.35 b	5.11 b	9.36 a	11.28 a	2.435
Firmeza (Kgf)	0.394 a	0.413 a	0.432 a	0.379 a	0.179
L* mesocarpio	57.06 a	51.08 b	56.13 ab	57.07 a	5.060
C* mesocarpio	42.68 a	47.07 a	47.27 a	41.01 a	5.456
h° mesocarpio	52.11 ab	46.82 b	50.62 ab	53.34 a	5.325
L* epicarpio	48.62 b	49.99 ab	51.37 ab	53.36 a	3.857
C* epicarpio	30.27 a	29.20 a	30.25 a	29.99 a	1.549
h° epicarpio	64.29 ab	67.88 a	61.67 b	63.29 b	4.524
Sabor (escala 1 a 5)	3.97 ab	4.09 ab	3.48 b	4.64 a	0.716
Color (escala 1 a 5)	3.32 a	3.91 a	3.76 a	3.88 a	0.642
Aroma (escala 1 a 5)	360 a	4.00 a	3.12 b	3.76 a	0.452
Fibrosidad (escala 1 a 5)	1.95 a	2.03 a	1.96 a	2.00 a	0.173
Textura (escala 1 a 5)	3.98 b	4.09 b	3.24 c	4.76 a	0.658

Promedios con distinta letra en una hilera son estadísticamente diferentes (Tukey, $\leq p0.05$). DMSH= Diferencia mínima significativa honesta.

5.5.5. Calidad físico-química de fruto

Entre los grupos determinados, la acidez titulable osciló entre 0.38 % y 0.13 % en madurez de consumo, donde las colectas “J-25” y “E-24”, del Grupo 3 presentan el valor más alto (Tukey $\alpha \leq 0.05$). Al respecto, Kumar-Baidya et al. (2020), mencionan que la reducción en los niveles de acidez en frutos de mamey se ha observado desde 0.48 % a 1.36 % en la etapa inicial del desarrollo, alcanzando niveles bajos (0.11- 0.41 %) cuando el fruto alcanza la etapa de madurez de consumo. Por su parte, Saucedo-Hernández (2018) menciona valores en madurez de consumo entre 0.25 % y 0.20 %.

Wasim-Siddiqui et al. (2014), argumentan que frutos de *Achras sapota* L. syn. *Manilkara achras* (Mill) Fosb. syn. *Achras sapota*, L. (familia Sapotaceae), tratados con cloruro de calcio (0.25 y 0.5 %) mediante el método de infiltración al vacío, mantienen mayor firmeza, acidez titulable, menor arrugamiento y maduración retrasada. En este sentido, los ácidos orgánicos disminuyen durante la maduración debido a que son utilizados en la respiración o convertidos a azúcares (Pérez-López et al., 2010).

La concentración de sólidos solubles totales en las colectas fluctuaron entre 37.6 y 13.8 ° Brix. El Grupo 3 presenta altos niveles de SST (Tukey $\alpha \leq 0.05$), destacando las colectas “E-24” y “J-25”. Villareal-Fuentes et al. (2015), reportan valores entre 17.5 y 23.0 ° Brix, mientras que Vijay et al. (2023), encontraron valores de 23.07 y 21.23 ° Brix. El comportamiento en el contenido de sólidos solubles durante la maduración del mamey se debe en parte a la hidrólisis del almidón en azúcares ya que se ha encontrado que el nivel de almidón en la pulpa se reducía del 14 al 5 %; la diferencia de variación en el contenido de SST y azúcares entre los cultivares probablemente se debe a diferencias en su carácter varietal y a las condiciones climáticas predominantes de la zona de colecta (Vijay et al., 2023).

Con relación al contenido de Vitamina C, los promedios en los grupos identificados oscilan entre 131.4 y 98.08 mg en 100 g de pulpa. No se observaron entre Grupos diferencias estadísticas (Tukey $\alpha \leq 0.05$), sin embargo, las colectas “N-20” y “O-7” destacan por su alto contenido de Vitamina C. Al respecto, Montoro (2017), encontró un contenido de ácido ascórbico de 65.0 mg y 49.0 mg en 100 g de pulpa. Cabe resaltar que la vitamina C, es una molécula importante ya que interviene en varios procesos bioquímicos como un potente antioxidante; donde la cantidad recomendada para humanos en la ingesta diaria oscila entre 40 y 50 mg en 100 g de pulpa.

La mayor y menor pérdida de peso cuantificada fue de 13.17 % y 3.35 %, respectivamente, siendo las del Grupo 3 y 4 las de más pérdidas y las de los Grupos 1 y 2 las de menor (Tukey $\alpha \leq 0.05$). Dicho comportamiento está en función de los días de maduración, y a los frutos que tardan más tiempo en madurar presentaron mayor pérdida de peso. Al respecto, Villareal-Fuentes et al. (2015), argumentan pérdidas de peso altas de 7.5 a 8.7 %, intermedia de 6.6 y 7.4 % y la menor pérdida fue de 5.6 -

6.9 %. Por su parte, Espinosa-Zaragoza et al. (2016), encuentran que en 11 genotipos provenientes de Alpayeca, Guerrero, los frutos alcanzaron la madurez de consumo al quinto día (almacenaron a temperatura ambiente 20 ± 3 °C), mientras que aquellos frutos que maduraron después del séptimo día todos presentaron problemas de fermentación. El comportamiento de pérdida de peso está atribuida a diferentes procesos, como es la transpiración (Wills et al., 2007), estructura definida del epicarpio del fruto el cual brinda resistencia a la merma de humedad (Valero y Serrano 2010).

Los valores de Firmeza en los Grupos definidos oscilaron en 0.78 y 0.24 kgf (7.65 y 2.35 N) en madurez de consumo, entre los cuales no se detectaron diferencias (Tukey $\alpha \leq 0.05$), sin embargo, de manera individual la colecta "N-20" presentó la mayor firmeza entre las colectas. Con estudios de Espinosa-Zaragoza et al. (2016) reportan firmeza inicial de 37.9 N los cuales alcanzan valores de 33.3 y 29.2 N en madurez de consumo, que pueden ser considerados como valores altos; mientras que, Villareal-Fuentes et al. (2015) presentan valores entre 0.8 y 1.7 N. Estos reportes comparados con los del presente estudio indica gran variabilidad de la firmeza en madurez fisiológica lo que origina problemas de maduración homogénea y consecuentemente en el manejo poscosecha.

La Luminosidad (L^*) en el mesocarpio de mamey en los Grupos identificados se observaron entre $L^* = 42.66$ y 61.42 . Villareal-Fuentes et al. (2015) mencionan que la luminosidad (L^*) de la pulpa del fruto disminuye 74-78 en maduración fisiológica a 39 y 53 en maduración de consumo, coincidiendo con el oscurecimiento del mesocarpio en el proceso de madurez. Con respecto a cromaticidad (C^*) se observaron valores de $C^* = 32.56$ y 51.86 , resultando un color en la pulpa "opaco". Villareal-Fuentes et al. (2015) por su parte encontraron valores de 26 y 33 en madurez de consumo. El ángulo de matiz (Hue) observado presentó valores de $h^\circ = 38.64$ y 58.34 , siendo estos cercanos al color "naranja-amarillento" y "rojo-vivido", un poco similar a la coloración naranja-rojizo reportada por Espinosa-Zaragoza et al. (2016) y la de Villareal-Fuentes et al. (2015), quienes reportan valores de $h = 55.0$ y 46.0 con tendencia al rojo.

La Luminosidad (L^*) en el epicarpio de mamey entre los Grupos encontrados en madurez de consumo se observaron entre $L^* = 55.89$ y 44.15 y la cromaticidad (C^*)

entre $C^* = 31.44$ y 28.89 . El ángulo de matiz (Hue) presentó valores de $h^\circ = 75.28$ y 59.18 . Los valores observados en la presente investigación: $h=64.53$, $C^*= 29.96$, y $L^*= 50.24$ indican que el color de la cáscara en las colectas de Cuetzala del Progreso, tiende a naranja vivo y opaco.

5.5.6. Calidad sensorial del fruto

De las propiedades sensoriales en los alimentos, la interacción de las sensaciones entre sabor, aroma, color (atractivo) y textura, integradas influyen fuertemente en la aceptación de los alimentos, más que por su valor nutricional, especialmente en las frutas tropicales, como es el caso del mamey (Muñoz et al., 2018).

Con respecto al sabor en los cuatro Grupos identificados los valores oscilaron entre 4.8 y 3.0. Los Grupos 4, 2 y 1 presentaron la mayor aceptación en cuanto a su sabor (Tukey $\alpha \leq 0.05$), destacando las colectas “M-10”, “J-14”, “G-19” y “J-26” que presentaron los valores más altos, descritos como sabor “Excelente”. El fruto de mamey presenta un valioso potencial para su aprovechamiento frutícola, esto por su encantador sabor, despertando aún más el beneficio de su envío a Australia, España, Filipinas, Israel y Vietnam (Saavedra-Cotrina et al., 2014); estos autores valoraron el sabor en de frutos procedentes de Iquitos-Loreto Perú, y determinaron que la pulpa presenta un sabor “Ligeramente dulce”. En el mismo contexto, Caamaño-Murillo et al. (2023) reportan valores que oscilaron 3.50 (ni me gusta ni me disgusta) ± 0.90 (poco agradable) en mamey (*Mammea americana*).

De acuerdo con los Grupos los valores del color oscilaron en 4.2 y 2.2, entre los que no hubo diferencias (Tukey $\alpha \leq 0.05$), no obstante, las colectas, “F-2”, “D-17”, “R-22” y “J-26” reportan los valores más altos, que se describen con una coloración “rojo-vivo”, siendo el color más aceptable por los consumidores, mientras que, la selección “M-1” presentó los valores más bajos, descrito como naranja-amarillento. Al respecto, Rodríguez et al. (2015) menciona que la igualdad del color son características importantes que ayudan a decretar el atributo del fruto, reflejando índice de frescura, buen sabor y alto nivel nutritivo del fruto. Saavedra-Cotrina et al. (2014) determinaron que el color mayormente abundante en sus frutos y aceptables por sus consumidores

era el “Amarillo-ámbar”. Por su parte, Caamaño-Murillo et al. (2023) obtuvieron valores que oscilaron 3.25 (ni me gusta ni me disgusta) \pm 1.06 (poco agradable).

Con respecto al aroma los intervalos en los Grupos fueron entre 4.2 y 3.0; los Grupos 2, 4 y 1 presentaron la mayor aceptación por su aroma descrito como “almendras” (Tukey $\alpha \leq 0.05$), donde, las colectas “F-2”, “D-15”, “D-17”, “R-22” y “J-26” presentaron los mayores valores. Rodríguez et al. (2015) argumentan que el aroma y sabor de las frutas constituyen el tercer motivo en importancia en la aceptación de compra seguido por el color y la textura. Saavedra-Cotrina et al. (2014) argumentan presencia de un aroma clasificado como “Agradable” y Caamaño-Murillo et al. (2023) presentaron valores que oscilaron 3.42 (ni me gusta ni me disgusta) \pm 0.42 (poco agradable).

La textura observada entre los Grupos fue entre 5.0 y 3.0. El Grupo 4 y 2 presentaron la mayor aceptación en textura (Tukey $\alpha \leq 0.05$), destacando las colectas “J-14”, “D-15” y “J-26” que presentan un mesocarpio descrito como “pulpa firme” al momento de consumirse directamente. La textura del fruto se relaciona con la firmeza de la pulpa, lo cual es un importante indicador de madurez. En un análisis sensorial realizado por Saavedra-Cotrina et al. (2014) se determinó que la pulpa de frutos de mamey provenientes de Iquitos-Loreto Perú, utilizada en la formulación de una bebida (néctar), presentan un aroma “Pastosa”, mientras que Caamaño-Murillo et al. (2023) reportan en sus estudios valores que oscilaron de 3.00 (ni me gusta ni me disgusta) \pm 0.95 (poco agradable).

5.6. CONCLUSIONES

Con el apoyo del análisis multivariado y análisis discriminante, se definieron cuatro grupos en función de caracteres relativos a la calidad bioquímica, fisiológica y sensorial.

Con base en la valoración de los parámetros de calidad poscosecha, las accesiones M-5", "M-10", "D-15", "D-17", "G-19" y "N-20" de los Grupos 1 y 2, así como la colecta "J-14", los cuales presentan maduración media (7 días), niveles altos de vitamina C y firmeza, además de mayor aceptación sensorial, poseen atributos potenciales para ser aprovechados en un programa de mejoramiento genético.

El Grupo 4 presentó bajos valores en los parámetros bioquímicos, fisiológicos y biofísicos, sin embargo, concentra la mayor aceptación en los parámetros sensoriales.

5.7. LITERATURA CITADA

- Association of Official Agricultural Chemist (A.O.A.C.) (1990). Official Methods Analysis. Washington, D. C. 1015 p.
- Bello, M. I. P., Macías, G. E. R., Anchundia, M. X. E., Bravo, M. C. D., Anchundia, M. M. E., Vera, D. H. E., & Anchundia, B. C. E. (2020). *Postharvest Treatment of Tropical Fruits Pineapple (Ananas comosus), Mamey (Mammea americana), and Banana (Musa paradisiaca) by Means of a Solar Dryer Designed* (1er ed., pp1-20). IntechOpen.
- Bijay, K. B., Achintya, M., Rakesh, K. P., & Priyanjani, S. (2020). A Review of physiological and biochemical changes related to ripening along with postharvest handling and treatments of Sapota. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 9(4), 2030-2035. DOI: <https://doi.org/10.22271/phyto.2020.v9.i4ab.12054>
- Caamaño, M. M. E., Macías, C. A. D., Mera, Z. C. M., y Roldán, V. M. D. (2023). Evaluación del uso de *Mammea americana* (Mamey) en repostería actual. *Revista de Gastronomía y Cocina*, 2(1), 30-37. doi: 10.5281/zenodo.8364880
30
- Domínguez, B. Martínez, M. A., y Alía, T. I. (2010). Caracterización de la maduración en ecotipos de zapote mamey (*Pouteria sapota*) *Revista Iberoamericana de Tecnología Postcosecha*, 11(2), 122-129.
- Espinosa, Z. S., Villarreal, F. J. M., Villegas, M. A., y Mora, A. A. (2009). *El zapote mamey*. In: De Coss FME, Ruiz BC, Moreno MJL, Cabrera AME, Díaz VVM, Pérez QN, Pinsón REP (Eds.). *Frutas del Trópico*. Universidad Autónoma de Chiapas. Tuxtla Gutiérrez, Chiapas. (pp. 325-344)
- Espinosa, Z. S., Villegas, M. A., Avendaño, A. C. H., López, B. O., Moreno, M. J. L., y Salgado, M. M. G. (2012). *Zapote mamey y otras sapotáceas*. (1era ed. pp. 9-38), Editorial Ambiente S.A de C.V.

- Espinosa, Z. S., Villegas, M. A., Saucedo, V. C., Corrales, G. J., Avendaño, A. C. H., y Alia, T. I. (2016). Características de calidad de zapote mamey (*Pouteria sapota* jacq.) seleccionado en Alpoyeca, Guerrero, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas* 7(4), 953-959.
- Gómez, J. R., Nieto, A. D., Téliz, O. D., Mora, A. J. A., Nava, D. C., Martínez, D. M. T., y Vargas, H. M. (2012). Manejo postcosecha del zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H.E. Moore & Stearn) y su impacto en la calidad de la fruta. *Revista Chapingo, Serie Horticultura*. 28(2), 253-262.
- Gómez, J. R., Nieto, A. D., Téliz, O. D., Mora, A. J. A., Nava, D. N., Martínez, D. M. T., y Vargas, H. M. (2012). Manejo postcosecha de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore and Stearn) y su impacto en la calidad de la fruta. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 18(2), 253-262. doi: 10.5154/r.rchsh.2009.02.002
- GRO-CULTURA. (2018). Enciclopedia Guerrerense – Cuetzala del Progreso. En línea: <https://enciclopediagro.mx/indice-municipios/municipio-de-cuetzala-del-progreso/>
- Gul K, Tak A, Singh, A. K., Singh, P., Yousuf, B., & Wani, A. A. (2015). Chemistry, encapsulation, and health benefits of β -carotene—a review. *Cogent Food & Agriculture* 1(1), 1-12. 1:1018696. <https://doi.org/10.1080/23311932.2015.1018696>
- López, M. G., López, P. M. F., Pascual, L., Ramón, C. & Heber, V. (2023). Detection of moisture ratio and carotenoid compounds in mamey (*Pouteria sapota*) fruit during dehydration process using spectroscopic techniques. *Journal of Food Science and Technology*, 60(7), 1952–1959. <https://doi.org/10.1007/s13197-023-05728-w>
- Macías, G. E. R., Bello, M. I. P., Trueba, M. S. L., Anchundia, M. X. E., Anchundia, M. M. E., & Bravo, M. C. D. (2018). Design, development and performance of solar dryer for pineapple (*Ananas comosus* (L.) Merr.), mamey (*Mammea americana* L.) and banana (*Musa paradisiaca* L.) fruit drying. *Acta Agronómica*, 67(1), 38-38. <https://doi.org/10.15446/acag.v67n1.60901>

- Magallanes, L. A. M., Martínez, D. M. T., Sahagún, C. J., Pérez, F. L. J., Marín, M. I. M., y Rodríguez, P. J. E. (2020). Calidad poscosecha de 40 poblaciones de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) nativas de México. *Agrociencia*, 54(6), 779-795.
- Muñoz, Y. M., Pino, J. A., Ortega, A. G., Montelongo, I., y Ronca, E. (2008). Desarrollo de un aroma de mamey similar al natural. *Ciencia y Tecnología de Alimentos*, 18(1), 16-19.
- Pérez, L. A., Alia, T. I., Cano, V. A., Rangel, F. D. M., Valle, G. S., Villaseñor, P. C. A., López, B. E., y Pérez, A. G. A. (2017). Color y estrés oxidativo en la maduración de zapote mamey (*Pouteria sapota*) previa compresión mecánica. *Revista Bio Ciencias*, 4(3): 189-201
- Pérez, L. A., Villaseñor, P. C. A., Cano, V. A., Rangel, F. D. M., Alia, T. I., y Colinas, L. M. T. (2010). Comportamiento mecánico y fisiológico de frutos de zapote mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn] bajo compresión. *Ingeniería Agrícola y Biosistemas*, 1(2), 119-125. doi: 10.5154/r.inagbi.2010.02.002
- Rodríguez, S. C., Generoso, S. M., Gutiérrez, D. R., y Questa, A. G. (2015). Aplicación del análisis sensorial en la evaluación de la calidad de productos frescos cortados. *Simiente*, 85(3-4), 21-38.
- Saavedra, C. G., Rodríguez, H. I., Torres, P. P., y Salazar, C. M. (2014). Potencial industrial de la pulpa de *Pouteria sapota* para la preparación de néctar de calidad. *REBIOL*, 34(2): 5-12.
- Sandoval, M. E., Nieto, A. E., Alia, T. I., López, M. V., Colinas, L. M. T., Martínez, M. A., Acosta, D. C. M., Andrade, R. M., Villegas, T. O., y Guillén, S. D. (2006). Crecimiento del fruto de zapote mamey [*Pouteria sapota* (Jacq) H. E. Moree & Stearn] en Morelos, México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 29(2), 59-62.
- SAS Institute Inc. 2012. SASuser's guide: Statistics. Release 6.03. Ed. SAS Institute incorporation, Cary, N. C. USA. 1028 p.

- Saucedo, H., S. (2018). *Cambios físicos, químicos, fisiológicos y funcionales durante el crecimiento del fruto de zapote mamey (Pouteria sapota (Jacq.) H. E. Moore & Stearn)*. [Tesis de Maestría, Universidad Autónoma del Estado de Morelos]. pp,15-40.
- SIAP, (2023). Sistema de información agroalimentaria y pesquera. http://nube.siap.gob.mx/cierre_agricola/.
- Soto, C., M., C., Cano, M., E., E., Cano, M., S., M., Welti, C., J., & Escobedo, A., Z. (2022). Effect of high hydrostatic pressures on microorganisms, total phenolic content and enzyme activity of mamey (*Pouteria sapota*) néctar. *Journal of Food Science and Technology*, 59(7), 2599–2604. <https://doi.org/10.1007/s13197-021-05278-z>
- Vallejo, P., M. R., Nieto, A., I, D., Martínez, D., M. T., Mora, A., J. A., Téliz, O., D., y Nava, D., D. (2009). El riego y fertilización en la calidad postcosecha del zapote mamey [*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn]. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 15(1), 91-100.
- Vijay, S. P., Suresh, K., T., Veena, J., & Raja, G. (2023). Post-harvest studies on chemical parameters in different sapota varieties under ambient storage conditions. *The Pharma Innovation Journal*, 12(3), 4666-4669.
- Villarreal, F., J., M., Alia, T., I., Hernández, E., Pelayo, Z., C., y Franco, M., O. (2015). Caracterización poscosecha de selecciones de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn) procedentes del soconusco, Chiapas. *Ecosistemas y Recursos Agropecuarios*, 2(5), 217-224.
- Villegas, M. A., y Mora, A. A. (2008). Propagación de zapote mamey (*Pouteria sapota* (Jacq.) H. E. Moore & Stearn). In: Alia TI, Villegas MA, López MV, Andrade RM, Acosta DCM, Villegas TOG, Guillén SD (eds.). *El Zapote Mamey en México: Avances de Investigación*. Universidad Autónoma del Estado de Morelos. Cuernavaca, Morelos. pp. 1-16.

- Wasim, S., M., Longkumer, M., Shamsheer, A., Md., Kalyan, B., Krishna T., P., & Jahangir, K. (2014). Postharvest biology and technology of sapota: a concise review. *Acta Physiology Plant*, 36, 3115–3122. DOI 10.1007/s11738-014-1696-4
- Wasim, S., M., Moasosang, L., Shamsheer, A., Md., Kalyan, B., Krishna, T., P., & Jahangir-Kabir (2014). Postharvest biology and technology of sapota: a concise review. *Acta Physiology Plant*, 36, 3115–3122. DOI 10.1007/s11738-014-1696-4
- Yahia, E. M., & Gutiérrez O., F. (2011). Sapodilla (*Manilkara achras* (Mill) Fosb., syn *Achras sapota* L.). In: Postharvest biology and technology of tropical and subtropical fruits. Mangosteen to white sapote. *Woodhead Publishing Limited, New Del*, 4, 351- 362.