

ARTÍCULO DE REVISIÓN

Herramientas genéticas empleadas para evaluaciones de germoplasma de mango

Rudier Solís-Rivera, Raymundo Rosas-Quijano, Alfredo Vázquez-Ovando, Didiana Gálvez-López*

Instituto de Biociencias, Universidad Autónoma de Chiapas. Tapachula, Chiapas, México.

Resumen

El mango (*Mangifera indica* L.) es el quinto cultivo más importante y consumido en el mundo. En México se cultiva en varios Estados, mayormente en la costa del Pacífico, desde Chiapas hasta el sur de Sinaloa. En México no existe programa de mejoramiento genético de la especie. Aunque se han realizado estudios sobre la diversidad genética, morfológica y bioquímica, no se ha llevado a cabo la selección de genotipos de interés comercial que propicien a futuro la selección asistida con miras a iniciar un programa sólido de mejoramiento genético. En este sentido, la presente revisión tuvo como objetivo reunir y discutir información sobre las herramientas genéticas que se han empleado en la historia del cultivo del mango en el mundo y en México para evaluar el germoplasma. También se discuten los mapas genéticos que se han construido y los avances genómicos que también se han logrado, con la finalidad de proponer ideas objetivas en la toma de decisiones sobre los rumbos que debería seguir la investigación del mejoramiento genético del germoplasma de mango en México.

Palabras clave:

Diversidad genética
Mangifera indica
 Mapa genético
 Marcadores moleculares
 Mejoramiento genético

Keywords:

Genetic diversity
Mangifera indica
 Genetic map
 Molecular markers
 Genetic improvement

Genetic tools used for mango germplasm evaluation

Abstract

Mango (*Mangifera indica* L.) is the fifth most important and consumed crop in the world. In Mexico it is grown in several states, mostly on the Pacific coast, from Chiapas to southern Sinaloa. In Mexico there is no genetic improvement program for the species. Although studies on genetic, morphological and biochemical diversity have been carried out, the selection of genotypes of commercial interest that favor assisted selection in the future with a view to starting a solid program of genetic improvement has not been carried out. In this sense, the present review aimed to gather and discuss information on the genetic tools that have been used in the history of mango cultivation in the world and in Mexico to evaluate germplasm. The genetic maps that have been constructed and the genomic advances that have also been achieved are also discussed to propose objective ideas in decision-making on the directions that research on the genetic improvement of mango germplasm in Mexico should follow.

* Autor para correspondencia:

Instituto de Biociencias,
 Universidad Autónoma de
 Chiapas.
 Boulevard Príncipe Akishino
 sin número, Colonia
 Solidaridad 2000, CP.
 30798.
 Tapachula, Chiapas, México.
 Teléfono: + 52 9626427972.
 Correo-electrónico:
 didiana.galvez@unach.mx

1. Introducción

El cultivo de mango (*Mangifera indica* L.) es parte importante del modelo de desarrollo económico y social de las regiones tropicales y subtropicales de México. El mango se cultiva en México en 207, 085.77 ha y ocupa el cuarto lugar en producción mundial, con un valor anual de 2 156,039.86 ton (SIAP, 2021), generando divisas de 10.86 mil millones de pesos (SIAP, 2021). Las variedades cultivadas en México son: Ataulfo (35%), Tommy Atkins, Haden y Keitt (25%), Manila (15%) y variedades criollas (25%) (SIAP, 2021).

En México, los principales problemas que afectan al cultivo de mango son, el tamaño del árbol, producción irregular, escaso amarre de frutos, sensibilidad al frío, incidencia de plagas y enfermedades; mismos que repercuten en la productividad, el rendimiento y la calidad del fruto (Gil et al., 2013).

Para buscar atender estas situaciones, México cuenta actualmente con dos bancos de germoplasma de mango: uno en Cotaxtla, Veracruz y otro en Tapachula, Chiapas, ambos en instalaciones del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) (Gálvez-López et al., 2010b; Knudsen, 2000). Estos bancos albergan, preferentemente, variedades extranjeras y algunas mexicanas, sin embargo, los genotipos criollos mexicanos están ausentes. Algunos estudios (Gálvez-López et al., 2007; Jaramillo y Baena, 2000) han mostrado características fenotípicas deseables en el germoplasma de mango criollo de México: regularidad en la productividad, buen amarre de fruto, caracteres de sabor y olor deseables en el fruto, entre otras. Así mismo, por su desarrollo adaptativo, es probable que en dicho germoplasma pudieran existir genes de tolerancia a factores climáticos adversos y de resistencia a plagas y enfermedades, entre otros.

Para tener mayores herramientas que ayuden en la toma de decisiones sobre la selección de individuos potenciales portadores de genes y características fenotípicas promisorias, el objetivo de la presente revisión fue analizar el estado del arte de estudios de diversidad genética del mango, mapas genéticos de variedades y recursos genómicos disponibles, con la finalidad de reunir información que ayude a proponer ideas objetivas sobre los rumbos que debería seguir la investigación del mejoramiento genético del germoplasma de mango en México.

2. Herramientas genéticas empleadas para evaluar germoplasma de mango

Se han reportado numerosos estudios sobre caracterización molecular de germoplasma de mango, los cuales se enfocan principalmente al análisis de diversidad genética (De Souza y Da Costa Lima, 2004; Karihaloo et al., 2003; Luo et al., 2011; Samal et al., 2012; Ravishankar et al., 2015; Warschefsky y von Wettberg, 2019); sin embargo, pocos han contribuido al mejoramiento genético de la especie. Los estudios de diversidad genética empleando marcadores moleculares, han contribuido principalmente en la

evaluación de la diversidad genética del germoplasma, en la determinación de qué individuos son los más promisorios en el aporte de características de interés frutícola, al mismo tiempo han permitido determinar cuáles individuos aportan mayor heterocigosidad en el germoplasma (Gálvez-López et al., 2010a).

Para otras especies los marcadores moleculares han sido de ayuda en la identificación de genes de interés agroalimentario, incluso han permitido identificar regiones cromosómicas asociadas a caracteres fenotípicos importantes, hasta llegar al mejoramiento genético asistido, como es el caso de la manzana y el durazno (Cheng y Huang, 2009; Martínez-García et al., 2013; Wang et al., 2020b). Los marcadores moleculares tienen un amplio campo de aplicación con este y otros propósitos. Algunos ofrecen más ventajas sobre otros y han ganado más popularidad y otros, aunque fueron útiles, hoy son poco utilizados.

Los microsatélites (SSR) son marcadores de ADN cuyos fragmentos se repiten consecutivamente y están distribuidos en todo el genoma. Estos marcadores tienen la propiedad de ser codominantes, esto significa que pueden revelar los alelos aportados por ambos padres en las cruces genéticas (Kumar et al., 2016). En mango, se han reportado más de 20 trabajos recientes utilizando SSR para evaluar la diversidad genética de germoplasma de colecciones, y para determinar relaciones genéticas entre individuos de distintas poblaciones (Kumar et al., 2016).

Por su parte, los marcadores moleculares RAPD's consisten en el uso de oligonucleótidos cortos para la iniciación de las reacciones de amplificación al azar por PCR, discriminan entre individuos diferentes, con la presencia o ausencia de fragmentos amplificados (Salvador-Figueroa et al., 2008). Su utilidad en mango fue en la determinación de relaciones entre individuos con o sin parentesco, y en la diversidad genética en poblaciones o colecciones. A partir de su desarrollo, fueron herramientas ampliamente utilizadas, hoy son escasamente empleadas, pero hasta 2012 se reportan unos 18 trabajos en mango (Samal et al., 2012).

Por su parte, los AFLPs (polimorfismo en los fragmentos amplificados), son marcadores multi-locus que analizan regiones distribuidas en todo el genoma y que consisten en digerir el ADN genómico, empleando enzimas de restricción y PCR selectiva de los fragmentos obtenidos, para detectar polimorfismos en posibles mutaciones en la secuencia de ADN, o cerca de los sitios de restricción (Vos et al., 1995). En mango se ha empleado para estimar relaciones genéticas entre individuos, diversidad genética entre poblaciones (Eiadthong et al., 1999; Gálvez-López et al., 2010a), y para construir mapas genéticos (Kashkush et al., 2001).

Por otro lado, existen los marcadores moleculares SNPs (polimorfismo de un solo nucleótido), los cuales se han utilizado en mango para determinar diversidad genética, relaciones de parentesco entre individuos genéticamente cercanos, para establecer relaciones de origen, post-domesticación, para detectar variaciones genómicas (Kuhn et al., 2016).

En México se han realizado pocos estudios del germoplasma de mango empleando marcadores moleculares. Por ejemplo, se analizó la variación molecular entre individuos del huerto padre de mango Ataulfo en Chiapas, empleando marcadores moleculares RAPD, encontrando 93.7% de similitud entre los ocho individuos (Salvador-Figueroa et al., 2008). En otros estudios se caracterizaron genotipos de mango criollos de Chiapas, México, empleando marcadores moleculares AFLP; los autores encontraron diferencias genéticas entre accesiones criollas y variedades cultivadas, respecto a las variedades provenientes del banco de germoplasma de Cotaxtla, Veracruz (Gálvez-López et al., 2010a).

Así también, se evaluó la diversidad y relación genética entre accesiones de mango distribuidas geográficamente en 16 estados de México, empleando marcadores AFLP y SSR, respectivamente; ambos marcadores coincidieron en la formación de dos grupos de mango, una incluyó mangos de la costa del Golfo de México y la otra, mangos de la costa del Océano Pacífico; también encontraron que los estados que presentaron mayor variabilidad genética poblacional fueron, Oaxaca, Michoacán y Tabasco (Gálvez-López et al., 2010a). Aunque los estudios han sido generales (Figura 1) y muestran características genéticas importantes, aún no aterrizan del todo en un programa de mejoramiento genético, por lo que hay bastante trabajo por realizar, sobre todo en México. Por ejemplo, existen métodos para determinar las relaciones del genotipo con el fenotipo que aún no se aplican en mango mexicano. Primeramente es necesario caracterizar el fenotipo de cada individuo de interés, que incluye la productividad y regularidades de frutos, las características fisicoquímicas, sensoriales, bioquímicas y fisiológicas del fruto, entre otras (Galvéz-López et al., 2007). Posteriormente, la caracterización del genotipo se realiza empleando las herramientas moleculares mencionadas, además de secuenciación, mapeo genético, entre otros (Wang et al., 2020a). Luego, a través de métodos de correlación estadística, de análisis de caracteres cuantitativos (QTL's) o de análisis de genes candidatos, se puede determinar la asociación de los caracteres fenotípicos con los moleculares, como se ha logrado en otros frutales. Así se podría determinar qué genotipos son los potenciales portadores de características fenotípicas de interés (Kuhn et al., 2019). Con esta información generada, se podrían proponer cruza dirigidas y obtener individuos potenciales en los programas de mejoramiento genético del mango en el país (Kumar et al., 2016; Samal et al., 2012).

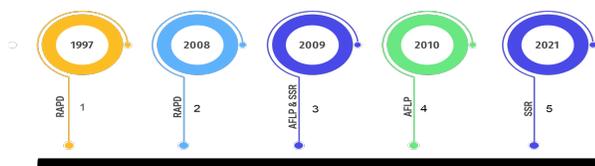


Figura 1. Línea de tiempo sobre estudios con marcadores moleculares en México. 1 (López-Valenzuela et al., 1997), 2 (Salvador-Figueroa et al., 2008), 3 (Gálvez-López et al., 2009), 4 (Gálvez-López et al., 2010a), 5 (De la Cruz-Marcial, et al., 2021).

3. Avances genómicos en mango

En *M. indica* los estudios genómicos han avanzado, ya que la meta es mejorar los cultivos o variedades comerciales existentes, y elegir apropiadamente los parentales con características favorables para futuras cruza dirigidas (Kuhn et al., 2016). Se han realizado varios transcriptomas de diferentes tejidos de mango. Pandit et al (2010) aislaron 18 genes relacionados con la bioquímica y la fisiología de la fruta, mismos que fueron candidatos a la expresión en frutos en desarrollo, maduración, flores y hojas, mostrando que la expresión del gen que codifica para la enzima monoesquiterpeno-sintasa, disminuyó durante la maduración.

Azim et al. (2014) realizaron la caracterización del transcriptoma y el análisis del genoma del cloroplasto de mango, revelando 139 genes del genoma cloroplasto, de los cuales, 91 codifican proteínas. El análisis de secuenciación reveló el genoma de cloroplasto *Citrus sinensis* como vecino más cercano del mango.

Se han realizado diferentes transcriptomas del fruto empleado tecnología Illumina RNA-Seq con diferentes variedades comerciales de mango Shelly y Zill, en los cuales se han identificado genes clave, involucrados en los mecanismos potencialmente asociados con la resistencia de la fruta a los patógenos, la mejora del color de la cáscara y el desarrollo de la decoloración de las lenticelas (Luria et al., 2014). También se ha proporcionado la secuencia completa para una vista sistémica del transcriptoma durante el desarrollo del fruto del mango (Wu et al., 2014). Dautt-Castro et al. (2015) emplearon el analizador de Genoma GAIIX II (Illumina) y realizaron un ensamble de *novo*, del transcriptoma del mesocarpio del mango. Los transcritos se validaron utilizando PCR de transcripción en tiempo real (qRT-PCR), obteniendo como resultado la identificación de unigenes que codifican productos génicos de vías como la transducción de señales de hormonas vegetales, el metabolismo del almidón y la sacarosa, el metabolismo de la galactosa, la biosíntesis del esqueleto terpenoide y la biosíntesis de carotenoides, que dirigen cambios durante la maduración del fruto. Los avances en el estudio del transcriptoma sobre los genes involucrados en procesos de formación y modificación de la cutícula se han realizado en varios frutos como tomate (*Solanum lycopersicum*) (Isaacson et al., 2009). Los órganos vegetativos de *Arabidopsis thaliana* (Isaacson et al., 2009) se han tomado como modelo para realizar el transcriptoma de *Mangifera indica* L., obteniendo como resultado la expresión de genes que participan en la elongación de ácidos grasos y formación de compuestos alifáticos *AtWIN1/SHN1*, *MiWIN1/SHN1* (MIN047952), que codifican para una proteína con un 68% de identidad con *AtWIN1/SHN1* (Tafolla-Arellano et al., 2017). Además de los estudios de transcriptoma de la cáscara del mango, se han ensamblado 107,744 unigenes con una longitud de 184'977,733 pb, valores que han logrado clasificar en diferentes grupos de unigenes de acuerdo a su longitud (Tafolla-Arellano et al., 2017).

Wang et al. (2020a) generaron el primer ensamblaje en el genoma de referencia del mango en el que se proporciona información crucial de manera pública. Se emplearon 20 pseudomoléculas con una capa gruesa etiquetada cada 5 Mb. Estos marcadores genéticos mapeados en el cromosoma de *M. indica* L. proporcionan información en varios sentidos: muestran la densidad de repetición, la densidad de genes, los genes implicados a resistencia de enfermedades, genes asociados con la producción de metabolitos implicados en la pigmentación de cutícula del fruto y otros. Lo anterior facilita la resecuenciación del genoma completo del mango (Wang et al., 2020a).

4. Mapas genéticos de mango (*Mangifera indica* L.)

Dentro de los germoplasmas de mango disponibles es importante identificar características hortícolas deseables para producir poblaciones mejoradas con bases genotípica y fenotípica (Kuhn et al., 2017). Actualmente las herramientas empleadas para el mapeo genético en mango, son los marcadores moleculares, entre ellos SNP, que para su descubrimiento, tienen a su disposición tecnologías de alto rendimiento (microarrays y NGS) mismas que están más disponibles (Cutler et al., 2001; Davey et al., 2013; McCouch et al., 2010). Por lo tanto, en términos de genotipificación paralela, las tecnologías disponibles inclinan la balanza a favor del uso de SNP como marcadores en lugar de SSR u otros, misma que permite la selección de progenitores (Sherman et al., 2015).

Kashkush et al. (2001) crearon el primer mapa genético de *M. indica* de una cruce de las variedades Keitt y Tommy-Atkins con el empleo de 34 marcadores moleculares AFLP en el que se estudió la relación genética de 16 cultivos, y 13 grupos de ligamiento. La construcción del mapa genético se basó en la combinación de fragmentos polimórficos amplificados con un peso promedio de 161.5 cM. Por lo tanto, se han generado mapas genéticos que han ayudado en la localización de regiones cromosómicas que codifican para caracteres de interés frutícola y productivo. Esta herramienta es altamente prometedora, sin embargo, se requiere del uso de individuos provenientes de cruces controladas, los cuales necesitan de al menos cuatro años para evaluar las características de los descendientes (Kashkush et al. 2001). En fecha reciente, un mapa de alta resolución fue producido por Luo et al. (2016), en el que desarrollaron el primer mapa genético de alta densidad empleando marcadores de secuenciación de fragmentos amplificados de locus específicos (SLAF-seq) que se basó en el estudio 173 individuos F1 de la cruce de especies de *M. indica* cv. Jin-Hwang (parental masculino) y cv. Irwin (parental femenino). Ambos parentales conservan caracteres de interés, por ejemplo, resistencia antracnosis en el parental Jin-Hwang, y frutos de color amarillo brillante y tamaño mediano para el parental Irwin. Se mapearon 20 grupos de ligamiento, saturado con 7394 marcadores SLAF.

El mapa genético desarrollado por Kuhn et al. (2017) identificó marcadores y regiones del genoma que se

encuentran asociados a caracteres de interés agronómico, en los que sobresalen, ramificaciones, color de la pulpa, floración y otros (Figura 2). El estudio se realizó en 911 individuos coleccionados de germoplasmas internacionales. Para completar el mapa del mango se emplearon 1,054 marcadores SNP en siete poblaciones híbridas, con un tamaño total de 2,890 cM y el tamaño promedio de 150 Kb. Las pruebas de MapQTL se encontraron siete parámetros cualitativos de los 14 usados, el tipo de embrión fue la característica con mayor puntuación del LOD para el marcador MI_0173 (Kuhn et al., 2017).

5. Conclusión

La presente revisión analizó el estado del arte de estudios de diversidad genética del mango, mapas genéticos de variedades y recursos genómicos disponibles. Se encontró que en los programas internacionales existen avances significativos sobre las herramientas genéticas que se emplean para el mejoramiento genético del mango; sin embargo, los programas de mejoramiento genético avanzan lentamente. Por otra parte, en México no existen programas de mejoramiento genético del mango, aunque hay estudios que evalúan el germoplasma, aún faltan varios estudios de mejoramiento genético empleando herramientas moleculares.

Agradecimientos

Al CONACYT proyecto APN-2017-6427 por el financiamiento para los análisis moleculares de mango (*Mangifera indica* L.) en el Instituto de Biociencias UNACH.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener ningún conflicto de intereses.

6. Referencias

- Azim MK, Khan IA, Zhang Y. 2014. Characterization of mango (*Mangifera indica* L.) transcriptome and chloroplast genome. *Plant Molecular Biology* 85(1): 193–208.
- Cheng Z, Huang H. 2009. SSR fingerprinting Chinese peach cultivars and landraces (*Prunus persica*) and analysis of their genetic relationships. *Scientia Horticulturae* 120(2): 188–193.
- Cutler DJ, Zwick ME, Carrasquillo MM, Yohn CT, Tobin KP, Kashuk C, Mathews DJ, Shah NA, Eichler EE, Warrington JA, Chakravarti A. 2001. High-throughput variation detection and genotyping using microarrays. *Genome Research* 11(11): 1913–1925.
- Dautt-Castro M, Ochoa-Leyva A, Contreras-Vergara CA, Pacheco-Sanchez MA, Casas-Flores S, Sanchez-Flores A, Kuhn DN, Islas-Osuna MA. 2015. Mango (*Mangifera indica* L.) cv. Kent fruit mesocarp *de novo* transcriptome assembly identifies gene families important for ripening. *Frontiers in Plant Science* 6: 62.

- Davey JW, Cezard T, Fuentes-Utrilla P, Eland C, Gharbi K, Blaxter ML. 2013. Special features of RAD Sequencing data: implications for genotyping. *Molecular Ecology* 22(11): 3151–3164.
- De Souza VAB, Da Costa Lima PS. 2004. Genetic variability in mango genotypes detected by RAPD markers. *Acta Horticulturae* 645: 303–310.
- Eiadthong W, Yonemori K, Sugiura A, Utsunomiya N, Subhadrabandhu S. 1999. Analysis of phylogenetic relationships in *Mangifera* by restriction site analysis of an amplified region of cpDNA. *Scientia Horticulturae* 80(3–4): 145–155.
- Gálvez-López D, Adriano-Anaya ML, Villareal-Treviño C, Mayek-Pérez N, Salvador-Figueroa M. 2007. Diversidad isoenzimática de mangos criollos de Chiapas, México. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 13(1): 71–76.
- Gálvez-López D, Hernández-Delgado S, González-Paz M, Becerra-Leor EN, Salvador-Figueroa M, Mayek-Pérez N. 2009. Genetic analysis of mango landraces from Mexico based on molecular markers. *Plant Genetic Resources* 7(3): 244–251.
- Gálvez-López D, Salvador-Figueroa M, Becerra-Leor EN, González-Paz M, Hernández-Delgado S, Mayek-Pérez N. 2010a. Molecular diversity and genetic relationships of mango germplasm from Chiapas, México. *Agrociencia* 44(8): 907–915.
- Gálvez-López D, Salvador-Figueroa M, Adriano-Anaya MDL, Mayek-Pérez N. 2010b. Morphological characterization of native mangos from Chiapas, Mexico. *Subtropical Plant Science* 62: 18–26.
- Gil L, Arcila A, Achury R, Sanabria M, Arias H, Baquero K. 2013. Guía de campo para la identificación y manejo de enfermedades y plagas en el cultivo de mango. <https://doi.org/10.21930/978-958-740-136-3>
- Hernández-Delgado, S., Becerra-Leor, E. N., González-Paz, M., & Mayek-Pérez, N. (2005). Diversidad genética en germoplasma de mango (*Mangifera* sp.) con marcadores moleculares AFLP 178 Encuentro Nacional de Investigación Científica y Tecnológica del Golfo de México. Altamira, México, 41.
- Isaacson T, Kosma DK, Matas AJ, Buda GJ, He Y, Yu B, Pravitari A, Batteas JD, Stark RE, Jenks MA, Rose JKC. 2009. Cutin deficiency in the tomato fruit cuticle consistently affects resistance to microbial infection and biomechanical properties, but not transpirational water loss. *Plant Journal* 60(2): 363–377.
- Jaramillo S, Baena M. 2000. Conservación *ex situ* de recursos fitogenéticos. IPGRI, España.
- Karihaloo JL, Dwivedi YK, Archak S, Gaikwad AB. 2003. Analysis of genetic diversity of Indian mango cultivars using RAPD markers. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology* 78(3): 285–289.
- Kashkush K, Jingui F, Tomer E, Hillel J, Lavi U. 2001. Cultivar identification and genetic map of mango (*Mangifera indica*). *Euphytica* 122(1): 129–136.
- Knudsen H. 2000. Directorio de Colecciones de Germoplasma en América Latina y el Caribe. IPGRI, Roma Italia.
- Kuhn DN, Dillon NL, Innes DJ, Wu LS, Mockaitis K. 2016. Development of single nucleotide polymorphism (SNP) markers from the mango (*Mangifera indica*) transcriptome for mapping and estimation of genetic diversity. *Acta Horticulturae* 1111, 315–322.
- Kuhn DN, Bally ISE, Dillon NL, Innes D, Groh AM, Rahaman J, Ophir R, Cohen Y, Sherman A. 2017. Genetic map of mango: A tool for mango breeding. *Frontiers in Plant Science* 8, 577.
- Kumar K, Srivastav M, Singh S. 2016. Ascertaining hybridity of progenies in mango (*Mangifera indica* L.) using microsatellite (SSR) markers. *Journal of Agriculture and Ecology* 2: 1–10.
- López-Valenzuela J.A., Martínez O., Paredes-López O. 1997. Geographic differentiation and embryo type identification in *Mangifera indica* L. cultivars using RAPD markers. *HortScience* 32: 1105–1108.
- Luo C, Hua-He X, Chen H, Ou SJ, Gao MP, Brown JS, Tondo CT, Schnell RJ. 2011. Genetic diversity of mango cultivars estimated using SCoT and ISSR markers. *Biochemical Systematics and Ecology* 39(4–6): 676–684.
- Luo C, Shu B, Yao Q, Wu H, Xu W, Wang S. 2016. Construction of a high-density genetic map based on a large-scale marker development in mango using specific-locus amplified fragment sequencing (SLAF-Seq). *Frontiers in Plant Science* 7:1310.
- Luria N, Sela N, Yaari M, Feygenberg O, Kobiler I, Lers A, Prusky D. 2014. *De-novo* assembly of mango fruit peel transcriptome reveals mechanisms of mango response to hot water treatment. *BMC Genomics* 15(1): 957.
- Martínez-García PJ, Parfitt DE, Oguniwin EA, Fass J, Chan HM, Ahmad R, Lurie S, Dandekar A, Gradziel TM, Crisosto CH. 2013. High density SNP mapping and QTL analysis for fruit quality characteristics in peach (*Prunus persica* L.). *Tree Genetics and Genomes* 9(1): 19–36.
- McCouch SR, Zhao K, Wright M, Tung CW, Ebana K, Thomson M, Reynolds A, Wang D, DeClerck G, Ali ML, McClung A, Eizenga G, Bustamante C. 2010. Development of genome-wide SNP assays for rice. *Breeding Science* 60(5): 524–535.
- Pandit SS, Kulkarni RS, Giri AP, Köllner TG, Degenhardt J, Gershenzon J, Gupta VS. 2010. Expression profiling of various genes during the fruit development and ripening of mango. *Plant Physiology and Biochemistry* 48(6): 426–433.
- Ravishankar KV, Bommisetty P, Bajpai A, Srivastava N, Mani BH, Vasugi C, Rajan S, Dinesh MR. 2015. Genetic diversity and population structure analysis of mango (*Mangifera indica*) cultivars assessed by microsatellite markers. *Trees-Structure and Function* 29(3): 775–783.
- Salvador-Figueroa M, Torres de los Santos R, Ovando-Medina I, Vázquez Ovando JA, Adriano Anaya M. 2008. Análisis de variabilidad genética del huerto padre del mango (*Mangifera indica* Linn.) variedad Ataulfo. *Quehacer Científico en Chiapas* 5: 29-34.
- Samal KC, Jena RC, Swain SS, Das BK, Chand PK. 2012. Evaluation of genetic diversity among commercial cultivars, hybrids and local mango (*Mangifera indica* L.) genotypes of India using cumulative RAPD and ISSR markers. *Euphytica* 185(2): 195–213.
- Sherman A, Rubinstein M, Eshed R, Benita M, Ish-Shalom M, Sharabi-Schwager M, Rozen A, Saada D, Cohen Y, Ophir R. 2015. Mango (*Mangifera indica* L.) germplasm diversity based on single nucleotide polymorphisms derived from the transcriptome. *BMC Plant Biology* 15(1): 277.
- SIAP. 2021. Estadística anual de la producción de mango. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>
- Tafolla-Arellano JC, Zheng Y, Sun H, Jiao C, Ruiz-May E, Hernández-Oñate MA, González-León A, Báez-Sañudo R, Fei Z, Domozych D, Rose JKC, Tiznado-Hernández ME. 2017. Transcriptome analysis of mango (*Mangifera indica*

- L.) fruit epidermal peel to identify putative cuticle-associated genes. *Scientific Reports* 7: 46163.
- Vos P, Hogers R, Bleeker M, Reijans M, Lee T, van de Hornes M, Friters A, Pot J, Paleman J, Kuiper M, Zabeau M. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. *Nucleic Acids Research* 23(21): 4407–4414.
- Wang P, Luo Y, Huang J, Gao S, Zhu G, Dang Z, Gai J, Yang M, Zhu M, Zhang H, Ye X, Gao A, Tan X, Wang S, Wu S, Cahoon EB, Bai B, Zhao Z, Li Q, Wei J, Chen H, Luo R, Gong D, Tang K, Zhang B, Ni Z, Huang G, Hu S, Chen Y. 2020a. The genome evolution and domestication of tropical fruit mango. *Genome Biology* 21: 60.
- Wang X, Shen F, Gao Y, Wang K, Chen R, Luo J, Yang L, Zhang X, Qiu C, Li W, Wu T, Xu X, Wang Y, Cong P, Han Z, Zhang X. 2020b. Application of genome-wide insertion/deletion markers on genetic structure analysis and identity signature of *Malus accessions*. *BMC Plant Biology* 20(1): 1–13.
- Warschefsky EJ, von Wettberg EJB. 2019. Population genomic analysis of mango (*Mangifera indica*) suggests a complex history of domestication. *New Phytologist* 222(4): 2023–2037.
- Wu H, Jia H, Ma X, Wang S, Yao Q, Xu W, Zhou Y, Gao Z, Zhan R. 2014. Transcriptome and proteomic analysis of mango (*Mangifera indica* Linn) fruits. *Journal of Proteomics* 105: 19–30.