

DIVERSIDAD GENÉTICA EN POBLACIONES DE MANZANO EN QUERÉTARO, MÉXICO REVELADA POR MARCADORES RAPD

GENETIC DIVERSITY IN APPLE POPULATIONS FROM QUERÉTARO, MÉXICO REVEALED BY RAPD MARKERS

Azucena del Carmen González-Horta¹, Mario Rafael Fernández-Montes², Aroldo Rumayor-Flores³,
Eduardo Castaño Tostado¹ y Ramón Álar Martínez Peniche^{1*}

¹División de Estudios de Posgrado, Facultad de Química, Universidad Autónoma de Querétaro, Centro Universitario, Cerro de las Campanas s/n, 76010. Querétaro, Querétaro. Tel. y Fax 01 (442) 192-1304. Correo electrónico: alvar@uaq.mx ²Campo Experimental Norte de Guanajuato, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Km. 65 Carr. Querétaro-San Luis Potosí, San Luis de la Paz, Gto. ³Productor independiente. Turín 315 Ote. C.P. 25230 Saltillo, Coah. México. Tel. 01 (844) 415-4004.

* Autor para correspondencia

RESUMEN

El manzano (*Malus domestica* Borkh.) es uno de los frutales de clima templado de mayor importancia en México, con 62 000 ha cultivadas en 2003, de las cuales alrededor de 700 se encuentran establecidas en el estado de Querétaro. La anarquía en la introducción de variedades cultivadas e híbridos por parte de los productores y las dependencias de gobierno, ha propiciado el desconocimiento de la identidad algunos de éstos, además, se ignora si los materiales introducidos se encuentran injertados sobre portainjertos clonales resistentes al pulgón lanígero (*Eriosoma lanigerum*), plaga importante en la región. Con el fin de evaluar la diversidad genética del manzano, se colectaron 65 muestras que incluyen variedades cultivadas, materiales criollos, híbridos y portainjertos de manzano y se analizaron por medio de marcadores moleculares tipo RAPD (ADN polimórfico amplificado al azar). Se seleccionaron 10 oligonucleótidos para el análisis del ADN. Se amplificaron 113 bandas polimórficas y 29 monomórficas. El análisis de conglomerados mostró que la mayor disimilitud entre genotipos fue de 0.71. Las muestras se separaron en dos conglomerados. El primero incluye casi todas las muestras relacionadas con la variedad 'Golden Delicious', mientras que el segundo grupo incluye la mayoría de las muestras correspondientes a manzanas rojas y portainjertos clonales. Los resultados indican que la diversidad genética del manzano en la región es importante y que el método RAPD permite agrupar genotipos con características comunes, lo que facilitará la identificación genética de variedades.

Palabras claves: *Malus domestica* Borkh, RAPD, diversidad genética, análisis de conglomerados

SUMMARY

Apples (*Malus domestica* Borkh.) are the most important temperate fruit crop grown in Mexico, with 62 000 ha cultivated in 2003, and 700 of them are established in Querétaro. Lack of germplasm control by growers or government means that some varieties and hybrids, are unknown. Woolly apple aphid (*Eriosoma lanigerum*) has a considerable effect on apple production in Querétaro and it is unclear whether or not the material is grafted onto resistant rootstocks. In order to evaluate the apple diversity in Querétaro, 65 samples of cultivars, landraces, hybrids and rootstocks were collected and analyzed using RAPD (Randomly Amplified Polymorphic DNA) markers. Ten primers were selected for the DNA analysis. One hundred and thirteen polymorphic and 29 common bands were amplified. Cluster analysis showed that the greatest distance observed in the dendrogram was 0.71. The samples were separated in two conglomerates, the first group included almost all of the genotypes related to 'Golden Delicious' variety while the second included most of the samples corresponding to red apples and clonal rootstocks. Results indicate that the genetic diversity in apple is important in the region and that the RAPD method allowed to group genotypes with common characteristics, which will facilitate the genetic identification of varieties.

Index words: *Malus domestica* Borkh, RAPD, genetic diversity, cluster analysis