

## DIVERSIDAD FENOTÍPICA Y GENÉTICA EN HUERTAS DE GUAYABO DE CALVILLO, AGUASCALIENTES

### PHENOTYPIC AND GENETIC DIVERSITY IN GUAVA ORCHARDS FROM CALVILLO, AGUASCALIENTES

Jorge Martínez-De Lara<sup>1</sup>, María Consuelo Barrientos-Lara<sup>1</sup>, Ana Cristina Reyes-De Anda<sup>1</sup>,  
Sanjuana Hernández-Delgado<sup>2</sup>, José Saúl Padilla-Ramírez<sup>3</sup> y Netzahualcoyotl Mayek Pérez<sup>2\*</sup>

<sup>1</sup> Departamento de Química, Universidad Autónoma de Aguascalientes. Universidad 940, 20100, Aguascalientes, México. Fax: 01 (449) 910-8401. <sup>2</sup> Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional. Blvd. del Maestro esq. Elías Piña. Col. Narciso Mendoza. C.P. 88710. Cd. Reynosa, Tamaulipas, México. Fax: 01 (899) 924-3627. Correo electrónico: nmayekp@hotmail.com <sup>3</sup> Campo Experimental Pabellón, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Apdo. Postal 20, C.P. 20660 Pabellón de Arteaga, Aguascalientes, México.

\* Autor para correspondencia

#### RESUMEN

La variabilidad morfológica y bioquímica en guayabo (*Psidium guajava* L.) es notable entre y dentro de huertas productoras de México, pero se desconoce su diversidad genética la cual servirá para su mejoramiento genético. Se determinó la diversidad fenotípica y genotípica de árboles de cuatro huertas de guayabo localizadas en San Tadeo, Calvillo, Aguascalientes. Se seleccionaron al azar 12 árboles en cada huerta, y en cada árbol diez frutos en los que se determinaron diferentes características morfológicas, y los 48 árboles se analizaron con la técnica del ADN polimórfico amplificado al azar (RAPD). Se detectaron diferencias en fenotipo y genotipo entre y dentro de huertas de guayabo, en cuanto al color de pulpa (crema, blanco, amarillo o rosa) y forma de fruto (ovalada o aperada). El análisis de componentes principales reveló que las variables diámetro polar, diámetro ecuatorial, grosor del mesocarpio, peso de frutos, largo de hoja y ancho de hoja fueron las características que mejor explicaron la variabilidad fenotípica de los árboles. Los 15 oligonucleótidos RAPD amplificaron 112 fragmentos de ADN (7-8 fragmentos por oligonucleótido) y todos fueron polimórficos. El análisis de conglomerados con datos fenotípicos y de RAPD demostró que no existió agrupamiento definido de los árboles con base a la huerta de origen. La diversidad morfológica y genética observada es desfavorable debido a que la variación en formas y colores de frutos afecta la uniformidad y la calidad de la producción.

Palabras clave: *Psidium guajava* L., diversidad fenotípica, análisis RAPD.

#### SUMMARY

Significant morphological and biochemical variability among and within guava (*Psidium guajava* L.) orchards of México has been found, but their genetic diversity remains unknown although it could be useful for the crop breeding. The phenotypic and genetic diversity of four guava orchards located in San Tadeo, Calvillo, Aguascalientes was determined. Twelve trees per orchard and ten fruits per tree were randomly selected and different morphological characteristics were determined in both fruits and trees; the 48 trees were analyzed by the Random Amplified Polymorphic DNA (RAPD) technique. Phenotypic and genetic differences across and within the tested orchards were detected, on basis to mesocarp color (beige, white, yellow, pink) and fruit shape (ovoid or pear-like). Principal component analysis revealed that polar diameter, equatorial diameter, mesocarp thickness, fruit weight, leaf length, and leaf width were the characteristics that best explained the phenotypic variation among trees. The 15 RAPD oligonucleotides amplified 112 ADN fragments (7-8 fragments per oligonucleotide) and all were polymorphic. Cluster analysis of phenotypic and RAPD data demonstrated no clear clustering of trees in relation to the orchard of origin. The morphological and genetic diversity is unfavorable due to the variation in fruit shapes and mesocarp color, which affect uniformity and quality of production.

Index words: *Psidium guajava* L., phenotypic diversity, RAPD analysis.