

## ADNc RELACIONADOS CON LA MADURACIÓN DEL FRUTO DE GUAYABA (*Psidium guajava* L.) CARACTERIZACIÓN Y ANÁLISIS DE EXPRESIÓN

### RIPENING-RELATED cDNAs IN GUAVA FRUIT (*Psidium guajava* L.) CHARACTERIZATION AND EXPRESSION ANALYSIS

Alberto I. Reyes Silva<sup>1</sup>, Héctor G. Núñez Palenius<sup>2</sup>, Gustavo Hernández Guzmán<sup>2</sup>, Ángel G. Alpuche Solís<sup>3</sup>,  
Cristina Garcidueñas Piña<sup>1</sup> y José F. Morales Domínguez<sup>1\*</sup>

<sup>1</sup>Departamento de Química, Centro de Ciencias Básicas, Universidad Autónoma de Aguascalientes. Avenida Universidad 940, Frac. Ciudad universitaria. 20131, Aguascalientes, Ags. <sup>2</sup>División Ciencias de la Vida, Campus Irapuato-Salamanca, Universidad de Guanajuato. Ex-Hacienda el Copal, Km 9 Carr. Irapuato-Silao. 36500, Irapuato, Gto. <sup>3</sup>División de Biología Molecular, Instituto Potosino de Investigación Científica y Tecnología, A.C. Camino a la Presa de San José 2055, Lomas 4ta. Secc. 78216, San Luis Potosí.

\*Autor para correspondencia (jfmoral@correo.uaa.mx)

#### RESUMEN

En este estudio se presentan los análisis bioinformáticos y de la expresión de cuatro clones de ADNc que codifican para una poligalacturonasa (PG), para ácido 1-aminociclopropano-1-carboxílico oxidasa (ACCo), y para dos  $\alpha$ -expansinas ( $\alpha$ -Exp) en guayaba (*Psidium guajava* L.). Mediante RT-PCR se obtuvo un fragmento parcial de 301 pb (*PgPG1*) correspondiente a una PG que se expresa a partir de fruto maduro, uno de 320 pb (*PgACO1*) para una ACCo de fruto sobremaduro, y dos para  $\alpha$ -expansinas: uno de 466 pb (*PgEXP2*) de fruto sobremaduro y otro de 362 pb (*PgEXP3*) de pedúnculo. El análisis bioinformático de los ADNc mostró que codifican para proteínas putativas con una alta homología con proteínas relacionadas. La secuencia de aminoácidos de la proteína parcial *PgPG1* contiene regiones características y conservadas de las PGs en plantas superiores y está relacionada con la maduración de frutos; *PgACO1* mostró características presentes en todas las ACCo y está relacionada con la maduración; *PgEXP2* y *PgEXP3* contienen parte de los dos dominios presentes de las expansinas, y están agrupadas filogenéticamente con las  $\alpha$ -expansinas. Los estudios de expresión mediante Dot Blot mostraron que el gen *PgPG1* fue visible en todos los estadios de maduración del fruto, con mayor intensidad durante el estadio maduro; el gen *PgACO1* fue visible en los cinco estadios de maduración del fruto y presentó su expresión más alta durante el estadio de transición, cuando comienza el cambio de color verde al amarillo (estos dos genes muestran comportamientos similares a los reportados en frutos climatéricos); en *PgEXP2* la expresión génica se detectó en todos los tejidos, con un incremento a partir del estadio verde 2 al sobremaduro, similar al comportamiento reportado en frutos no climatéricos; para *PgEXP3* la expresión fue visible en cuatro estadios de maduración del fruto y en pedúnculo, con mayor intensidad en el estadio maduro que en todos los demás.

**Palabras clave:** *Psidium guajava*, reblandecimiento del fruto, ACC oxidasa, expansinas, poligalacturonasas.

#### SUMMARY

Bioinformatics analysis and gene expression studies of four clones of guava cDNA encoding for a polygalacturonase (PG), an acid 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase (ACCo), and two  $\alpha$ -expansins ( $\alpha$ -Exp) in guava (*Psidium guajava* L.), is presented here. Using RT-PCR, a partial cDNA fragment of 301 bp (*PgPG1*) was associated to a PG from mature fruit, one of 320 bp (*PgACO1*) for an ACCo in overripened fruit, and two fragments for  $\alpha$ -expansins: a 466 bp (*PgEXP2*) of overripe fruit and a 362 bp of peduncle (*PgEXP3*). cDNA analysis showed that these fragments encode putative proteins with high homology with related proteins. The amino acid sequence of *PgPG1* contains particular features and conserved regions of the PGs in higher plants and is related to fruit ripening; *PgACO1* showed features present in all the ACCo and is related to fruit maturation; *PgEXP2* and *PgEXP3* partially contain two domains present in expansins; and they are phylogenetically grouped with  $\alpha$ -expansins. Dot Blot expression studies showed that gene *PgPG1* was visible in all stages of fruit ripening, with higher intensity during mature stage. Gene *PgACO1* was visible in the five stages of fruit ripening, and was highest during the transition stage (these two genes displayed behaviors similar to those reported in climacteric fruits); *PgEXP2* gene expression was detected in all tissues, with an increase from the Green Stage 2 to Overripe Stage 1, as it has been reported in non-climacteric fruits; for *PgEXP3* the expression was visible in four stages of fruit ripening and at peduncle, with highest intensity at the mature stage.

**Index words:** *Psidium guajava*, fruit softening, ACC oxidase, expansins, polygalacturonases.