



REVISTA CHAPINGO SERIE
HORTICULTURA

ISSN: 1027-152X

revistahorticultura29@gmail.com

Universidad Autónoma Chapingo
México

Gálvez-López, D.; Adriano-Anaya, M. L.; Villarreal-Treviño, C.; Mayek-Pérez, N.; Salvador-Figueroa, M.

Diversidad isoenzimática de mangos criollos de Chiapas, México

REVISTA CHAPINGO SERIE HORTICULTURA, vol. 13, núm. 1, enero-junio, 2007, pp. 71-76

Universidad Autónoma Chapingo
Chapingo, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=60913110>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal

Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

DIVERSIDAD ISOENZIMÁTICA DE MANGOS CRIOLLOS DE CHIAPAS, MÉXICO

D. Gálvez-López¹; M. L. Adriano-Anaya¹;
C. Villarreal-Treviño²; N. Mayek-Pérez³;
M. Salvador-Figueroa^{1*}

¹Área de Biotecnología, Universidad Autónoma de Chiapas.
Carretera a Puerto Madero Km. 2.0, Tapachula, Chiapas, C. P. 30700. MÉXICO.
Correo-e: msalvad@hotmail.com (*Autor responsable).

²Centro de Investigación de Paludismo, Instituto Nacional de Salud Pública,
19 Calle Poniente esquina con 4ª Norte, Tapachula, Chiapas, C. P. 30700. MÉXICO.

³Centro de Biotecnología Genómica, Instituto Politécnico Nacional,
Blvd. del Maestro, esquina Elías Piña s/n, Col. Narciso Mendoza,
Cd. Reynosa, Tamaulipas, C. P. 88710. MÉXICO.

RESUMEN

En el estado de Chiapas existe una amplia gama de mangos cultivados que podrían ser potencialmente importantes para el mejoramiento genético de la especie. Las características fenotípicas de frutos y árboles son indicadores para diferenciar a los mangos criollos de Chiapas de los comerciales, aunque no son precisos. En este trabajo se determinó la diversidad isoenzimática de 16 colectas de mangos criollos y cinco variedades comerciales cultivadas en la región Soconusco, Chiapas, México, con base en siete sistemas isoenzimáticos. Los mangos analizados tienen como nombres comunes: Coche, Piña, Madura verde, Canela, Amate, Tecolote, Oro, Tapanero, Manilón, Alcanfor, Manzana, Manililla, Blanco, Melocotón, Amatillo, Pomarrosa, y las variedades mejoradas fueron: Ataulfo (de 50 y 70 años edad), Tommy Atkins, Kent y Manila. Veinte marcadores polimórficos fueron localizados aunque, ningún sistema enzimático, por sí solo, permitió diferenciar a cada uno de los mangos estudiados; sin embargo, la unión de los sistemas enzimáticos GPI-1 y GPI-2, generó patrones únicos que permitieron caracterizar a los diferentes mangos. El dendrograma indicó la existencia de 83 % de similitud entre las variedades analizadas, formando tres grupos: uno incluyó al mango Pomarrosa, diferente al resto de los individuos; otro grupo incluyó a los individuos criollos con características similares del fruto, así como alta cantidad de fibra y de azúcares y no comercializables. El tercer grupo incluyó mangos comerciales y algunos criollos que son comercializados localmente y que comparten similitudes en algunas características del fruto, como ausencia de fibra en la pulpa, alta cantidad de azúcares, entre otras.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES: *Mangifera indica* L., isoenzimas, germoplasma criollo.

ISOENZYMATIC DIVERSITY OF MANGO LANDRACES OF CHIAPAS, MEXICO

ABSTRACT

The State of Chiapas has a wide array of cultivated mangoes which could potentially be important for plant breeding of this species. Phenotypic characteristics of fruits and trees are useful indicators in differentiating Chiapas landrace mangoes from commercial ones, but they are not precise. In this study we determined the isoenzymatic diversity of 16 collections of mango landraces and five commercial varieties grown in the Soconusco Region, Chiapas, Mexico, using seven isoenzymatic systems. The analyzed mango landraces have the following common names: Coche, Piña, Madura verde, Canela, Amate, Tecolote, Oro, Tapanero, Manilón, Alcanfor, Manzana, Manililla, Blanco, Melocotón, Amatillo, and Pomarrosa; the improved varieties were Ataulfo (50 to 70 year old), Tommy, Atkins, Kent and Manila. Twenty polymorphic markers were located, but none of the enzymatic systems, by itself, allowed differentiation of each of the mangoes studied; however, combination of the enzymatic systems GPI-1 and GPI-2, generated unique patterns that allowed characterization of the different mangoes. The dendrogram suggested the presence of 83 % of similarity among the analyzed varieties, resulting in three groups: one group included Pomarrosa mango, which was clearly different from the others. A second group included landraces with similar fruit characteristics, with a high amount of fiber and sugar and without commercializa-

tion traits. The third group included commercial mangoes and some landraces that are commercialized locally that share similarities for some fruit traits, such as the absence of fiber in the pulp and high sugar content.

ADDITIONAL KEY WORDS: *Mangifera indica* L., isoenzymes, landrace germplasm.

INTRODUCCIÓN

El mango (*Mangifera indica* L) se cultiva desde hace más de 4000 años (Guzmán, 1998; Karihaloo *et al.*, 2003). La primera plantación comercial se remonta a 1556 en la India (Villegas, 1998). En México, el mango fue introducido al estado de Veracruz por los españoles y, en 1879, al estado de Guerrero directamente de Filipinas (Mata y Mosqueda, 1995; Guzmán, 1998). El mango se ha adaptado bien a las condiciones ambientales de la zona tropical de México, donde exhibe gran diversidad de formas, sabores y aromas. Todos los tipos de mango cultivados en el país se han originado y mantenido por reproducción sexual y, en ocasiones, a través de la propagación vegetativa. En México se cultivan preferentemente el mango Manila (35 %), algunas variedades de Florida (25 %), tales como Tommy Atkins, Haden e Irwin y variedades criollas (40 %). En Chiapas, el mango se cultiva en una superficie aproximada de 18,000 ha de las cuales 14 mil (90 %) están sembradas con la variedad local Ataulfo (Anónimo, 2000), aunque existe una amplia gama de mangos no cultivados con origen y nombres locales que podrían ser potencialmente importantes para el mejoramiento genético de los que actualmente se cultivan en México.

Las características fenotípicas de frutos y árboles son hasta ahora los indicadores que permiten diferenciar a los mangos criollos de la región del Soconusco, Chiapas, de los comerciales y no existen a la fecha estudios bioquímicos o moleculares de caracterización del germoplasma de mango nativo. Uno de los métodos moleculares empleados para la identificación correcta de un individuo o población son las isoenzimas, por lo que pueden servir como una herramienta para la identificación y caracterización de dichas variedades.

Degani *et al.* (1990) analizaron 42 variedades de mango en Israel utilizando la enzima glucosa fosfato isomerasa (GPI). Encontraron que existen dos formas activas de la enzima, una de ellas en el citosol (GPI-2) y otra en los plastidios (GPI-1). Degani *et al.* (1992) utilizaron la GPI-2 como marcador molecular en 131 variedades de mango encontrando seis patrones distintos de bandeo y dos fenotipos distintos, aquellos que mostraron una sola banda (homocigotos) y los que mostraron tres bandas (heterocigotos). Gintanawongse y Changtragoon (1999) utilizaron once enzimas para la identificación de cuatro variedades híbridas de mango: 'Khiew Sawoey', 'Nam Dok Mai', 'Nang Klang Wan' y 'Rad' y 20 cruces controladas de la India. Entre las enzimas que presentaron mayor polimorfismo estuvieron glutamato deshidrogenasa (GDH), glucosa-6-fosfato deshidrogenasa (G6PDH), diaforasa (DIA) e isocitrato deshidrogenasa (IDH). Se encontró que las

cuatro variedades se podían identificar utilizando las DIA y IDH. El objetivo del presente trabajo fue estudiar la diversidad genética de los mangos criollos de la región del Soconusco, Chiapas con base en el uso de isoenzimas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material biológico

Se utilizaron hojas jóvenes de diferentes genotipos de mango de la región del Soconusco de Chiapas, México. La edad de los frutales fue la característica más importante para la selección; por ello, la mínima para cada árbol fue de 30 años. Las variedades de mango comerciales estudiadas fueron: 'Ataulfo' (con edades de 50 y 70 años) 'Tommy Atkins', 'Kent' y 'Manila' y los tipos de mangos criollos: 'Coche', 'Piña', 'Madura verde', 'Manzana', 'Manilón', 'Tapanero', 'Tecalote', 'Amate', 'Alcanfor', 'Oro', 'Amatillo', 'Pomarrosa', 'Canela', 'Blanco', 'Melocotón' y 'Manililla'.

Extracción de proteínas

La extracción de proteínas se realizó con solución reguladora de extracción [Tris-HCl 100 mM, pH 7; sacarosa 7 %; polivinil pirrolidona (PVP) 7 %; ácido ascórbico 125 mM; dietilditiocarbamato 20 mM; seroalbúmina bovina (BSA) 0.1 %; Tween 20 al 0.1 %] para muestras con alta cantidad de fenoles, de acuerdo con el método propuesto por Vázquez *et al.* (2000) modificado.

Electroforesis de proteínas

La separación de proteínas se realizó en gel de almidón al 13 %, utilizando una cámara electroforética horizontal (Bio-Rad®, Midicell). La electroforesis se realizó a 80 V durante 7 h a 4 °C en una solución reguladora de Tris-citratos (Trizma 0.687 M y ácido cítrico 0.157 M a pH 8). La preparación del gel se realizó de acuerdo con Urbanelli *et al.* (1998) y Gintanawongse y Changtragoon (1999). El extracto proteico se mezcló (1:1) con una solución reguladora de carga (2.0 ml de Tris-citratos diluido 1:29, 2.0 ml de glicerol, 0.4 g de Tween 20, 2 mg de azul de bromofenol aforando con agua desionizada a 10 ml).

Análisis estadístico

Los sistemas enzimáticos ensayados fueron: GPI-1, GPI-2, IDH-1, IDH-2, G6PDH-1, G6PDH-2 y GDH. Los resultados fueron sometidos a un análisis de filogenia (Black, 1995), donde a la presencia de una banda específica se le asignó un valor de 1 y a su ausencia el valor de 0. Se generó una matriz de distancias usando la opción de similaridad

del programa RAPDLOT (Black, 1995) derivada de Nei y Li (1985), en la cual:

$$S \text{ (Índice de similitud)} = 2N_{AB}/(N_A + N_B).$$

Donde:

N_{AB} = Fragmentos que dos individuos tienen en común.

N_A = A / $N_{B=}$ Número de fragmentos en los individuos B.

La matriz fue analizada mediante el método UPGMA (Agrupamiento de Medias no Ponderadas) en el programa Phylip 3.5c (Felsenstein, 1993).

RESULTADOS

Los resultados obtenidos con los siete sistemas enzimáticos aplicados en el germoplasma de mango se muestran en el Cuadro 1. Las enzimas GPI-1 y GPI-2, presentaron tres alelos: A, B y C; la enzima GPI-1 mostró cinco patrones electroforéticos en los cuales 11 variedades fueron homocigóticas (cuatro para el alelo A, cinco para el alelo B y dos para el alelo C); cuatro heterocigóticas con dos alelos (uno para los alelos AB y tres para los alelos AC) y seis variedades no expresaron alelos debido a posibles rearrreglos del gen que codifica para esta enzima (Vázquez *et al.*, 2000). La enzima GPI-2 presentó siete patrones electroforéticos, donde nueve variedades fueron homocigóticas, seis heterocigóticas y seis no expresaron alelos, lo que comparado con GPI-1, fue más polimórfica. De acuerdo con Degani *et al.* (1990) y Vázquez *et al.* (2000), la GPI-2 es una enzima citosólica con alto grado de polimorfismo alélico en diferentes especies; sin embargo, en mango y tratándose de individuos que han evolucionado en poco tiempo en un mismo hábitat y que posiblemente mantengan alto grado de parentesco, esta enzima no permite diferenciar a un individuo de otro con claridad.

Los mangos analizados mediante la IDH-1 solamente presentaron dos alelos con tres diferentes patrones electroforéticos, 19 % de los cuales fueron heterocigotos y el resto no expresaron alelos; por otro lado, con IDH-2 se

observaron tres fenotipos con cinco patrones electroforéticos, que de las 21 variedades de mangos analizadas 9.2 % fueron heterocigóticos y 10 no expresaron alelos. Los patrones electroforéticos de los mangos 'Manila', 'Kent' y 'Pomarrosa', en el caso de IDH-2, presentaron patrones únicos, y por tanto se diferenciaron del resto de las variedades de mangos analizados. De acuerdo con Vázquez *et al.* (2000), la enzima IDH está codificada por un locus en gramíneas; sin embargo, en frutales es codificada por dos *loci*. Debido al bajo polimorfismo de IDH en este estudio, no se observó un patrón definido para cada individuo analizado.

La enzima G6PDH-1 expresó tres alelos: A, B y C, distribuidos en cinco patrones electroforéticos. De los mangos analizados, 19 % fueron heterocigóticos, cinco variedades no expresaron alelos y el resto fueron homocigóticas. Únicamente "Ataulfo 70" mostró un patrón isoenzimático único para esta enzima (fenotipo AB). Por su parte, la G6PDH-2 produjo dos patrones electroforéticos con dos alelos y en los individuos analizados no se observó heterocigosidad por la baja frecuencia de estos alelos debido probablemente a algún tipo de presión de selección contra estos alelos, como se ha observado en duraznero (*Prunus persica*) (Degani *et al.*, 1992), mientras que en 12 individuos no se encontró expresión de dichos alelos.

Para el caso de la enzima GDH, se obtuvieron cuatro alelos distintos dando lugar a siete patrones electroforéticos. Esta enzima presentó alto porcentaje de heterocigosidad y el mayor número de alelos, comparado con los demás sistemas enzimáticos evaluados con excepción de la GPI-2. Los zimogramas únicos para esta enzima fueron los expresados por los mangos "Amate" y "Pomarrosa" (Cuadro 2).

DISCUSIÓN

Las enzimas analizadas en este estudio mostraron un rango de polimorfismo, determinado como patrón electroforético, de 2 a 7, y las más polimórficas fueron GPI-2 y GDH. El alto polimorfismo mostrado por G6PI-2 en mangos del Soconusco, Chiapas concuerda con lo reportado por Degani *et al.* (1990, 1992), quienes indicaron que la GPI

CUADRO1. Resultados obtenidos en los siete sistemas enzimáticos.

| Sistema enzimático | Heterocigosidad (%) | Número de alelos | Expresión de alelos(%) |
|--------------------|---------------------|------------------|-----------------------------------|
| GPI-1 | 10.0 | A, B, C | A= 38.1, B= 28.6, C= 23.8 |
| GPI-2 | 33.3 | A, B, C | A= 33.3, B= 38.0, C=23.8 |
| IDH-1 | 19.0 | A, B | A= 76.2, B= 28.6 |
| IDH-2 | 9.5 | A, B, C | A= 28.6, B= 23.8, C= 9.5 |
| G6PDH-1 | 19.0 | A, B, C | A= 42.9, B= 14.3, C= 38.1 |
| G6PDH-2 | 0 | A, B | A= 28.6, B= 14.3 |
| GDH | 23.8 | A, B, C, D | A= 9.5, B= 28.6, C= 28.6, D= 23.8 |

CUADRO 2. Genotipos de germoplasma de mango criollo del Soconusco, Chiapas, México.

| Variedad | Genotipo | | | | | | |
|--------------|----------|--------|-------|-------|---------|---------|-----|
| | G6PI-1 | G6PI-2 | IDH-1 | IDH-2 | G6PDH-1 | G6PDH-2 | GDH |
| Coche | AB | AC | AA | BB | AA | AA | BC |
| Ataulfo (70) | AC | BB | AB | BB | AB | Nd | BC |
| Ataulfo (50) | AC | CC | AA | AA | AA | AA | BC |
| Manila | nd | AC | AA | AC | AC | BB | BB |
| Piña | BB | AB | Nd | AA | AC | AA | AA |
| Tomy Atkins | CC | BC | AB | BB | AA | AA | CC |
| Madura verde | nd | AB | AB | nd | AA | AA | DD |
| Kent | AA | AC | AA | AB | nd | AA | DD |
| Amate | BB | BB | AB | BB | AC | nd | BD |
| Tecolote | BB | nd | Nd | AA | BB | nd | AA |
| Oro | nd | AA | AA | nd | nd | BB | Nd |
| Tapanero | AA | AA | AA | nd | BB | nd | Nd |
| Manilon | BB | nd | AA | nd | nd | nd | Nd |
| Alcanfor | AC | nd | AA | nd | CC | nd | Nd |
| Manzana | BB | nd | AA | nd | AA | nd | CC |
| Manililla | nd | CC | AA | nd | CC | nd | Nd |
| Blanco | AA | nd | BB | nd | CC | nd | Nd |
| Melocotón | nd | CC | Nd | AA | CC | nd | Nd |
| Amatillo | nd | BB | BB | nd | CC | nd | BB |
| Pomarrosa | CC | BB | Nd | CC | nd | nd | CD |
| Canela | AA | nd | AA | nd | nd | BB | DD |

nd = no detectado

presentó alto polimorfismo y que GPI-2 presentaba cuatro alelos y seis patrones electroforéticos diferentes en gemoplasma de mango, tal como ocurrió en este trabajo donde GPI-2 se expresó con tres alelos y siete patrones electroforéticos. Además, se observaron individuos homocigóticos para los tres alelos, individuos heterocigóticos para dos alelos y un individuo con un fenotipo triple, algo similar a lo reportado por Degani *et al.* (1992). La presencia del patrón triple es causado de acuerdo con Degani *et al.* (1992) por una enzima híbrida interloci.

Gintanawongse y Changtragoon (1999) utilizaron la IDH y diferenciaron a la variedad 'Khiew Sawoey' (homocigótica) de los mangos 'Nang Klag Wan', 'Nam Dok Mai' y 'Rad' (heterocigotos). La alta homogeneidad de IDH-1 en este estudio, no permitió su utilización como marcador molecular para la diferenciación de las variedades; sin embargo, IDH-2 únicamente permitió diferenciar las variedades 'Manila', 'Kent' y 'Pomarrosa' del resto de las variedades (Cuadro 2).

De las enzimas analizadas, G6PDH-2 mostró menor polimorfismo, pues sólo se encontraron individuos homocigóticos, lo que indica su alta conservación en mango. La variedad 'Ataulfo' mostró el genotipo AA, el cual fue similar a otros mangos de la región. En el Cuadro 2 se resume el genotipo de las 21 variedades de mango analizadas. Se observó alta diversidad genética entre los mangos de la

región del Soconusco de Chiapas, México. Entre las variedades analizadas se encuentran individuos que se cree provienen de un solo progenitor como son los individuos 'Ataulfo 50' y 'Ataulfo 70'; sin embargo, entre ellos se encontraron diferentes genotipos lo que sugiere que existe variabilidad genética aun entre los individuos de la misma variedad, probablemente debido a que la especie se ha recombinado genéticamente por polinización abierta. Con las enzimas G6PI-1 y G6PI-2 cada variedad mostró un patrón isoenzimático específico, con lo cual podrían servir para la identificación de germoplasma de mango. Este resultado está parcialmente de acuerdo con Degani *et al.* (1992), quienes indicaron que GPI-2 mostró alto polimorfismo en genotipos poliembriónicos de Israel.

Se observó similitud de 20 a 75 % entre las variedades (Figura 1); las variedades menos parecidas fueron Amatillo y Manililla, mientras que las variedades con mayor similitud fueron Ataulfo y Melocotón; Amate y Pomarrosa y Tapanero y Pomarrosa, debido probablemente a que comparten algún progenitor en común. El porcentaje de similitud genética entre el germoplasma fue mayor al 83 %, lo que indica la existencia de diferenciación genética baja entre genotipos criollos. Las diferencias encontradas entre los individuos analizados indican la presencia de recombinación genética, derivado del proceso de fertilización cruzada que esta especie tiene, de acuerdo con Degani *et al.* (1992), así como el aprovechamiento y cultivo de dicho germoplasma

recombinante o segregante.

El análisis de conglomerados permitió obtener un dendrograma (Figura 1) que mostró la formación de dos grupos de genotipos. La variedad Pomarroja (grupo A) fue la variedad criolla más alejada genéticamente del resto, lo que podría sugerir que pertenece a otra especie; el análisis genético con técnicas moleculares podría confirmar esto. En el grupo C se ubicaron los genotipos: 'Coche', 'Ataulfo (50)', 'Ataulfo (70)', 'Tomy Atkins', 'Piña', 'Madura verde', 'Amate', 'Manila' y 'Kent'; y en el grupo B los mangos 'Tecalote', 'Manilón', 'Manzana', 'Oro', 'Canela', 'Tapanero', 'Alcanfor', 'Blanco', 'Manililla', 'Amatillo' y 'Melocotón'. Los mangos del grupo C poseen características favorables para su comercialización, como baja cantidad de fibra en la pulpa, alta cantidad de azúcares, y peso deseable del fruto en el mercado, mientras que los del grupo B son autóctonos que no han sido explotados probablemente por no poseer todas las características deseables del mango en el mercado, tales como ausencia de fibra, el peso de fruto adecuado, tamaño reducido de la semilla, entre otras. Sin embargo, es necesaria la conservación del germoplasma criollo del mango de Chiapas ya que son potencialmente importantes para el mejoramiento genético de las variedades comerciales existentes.

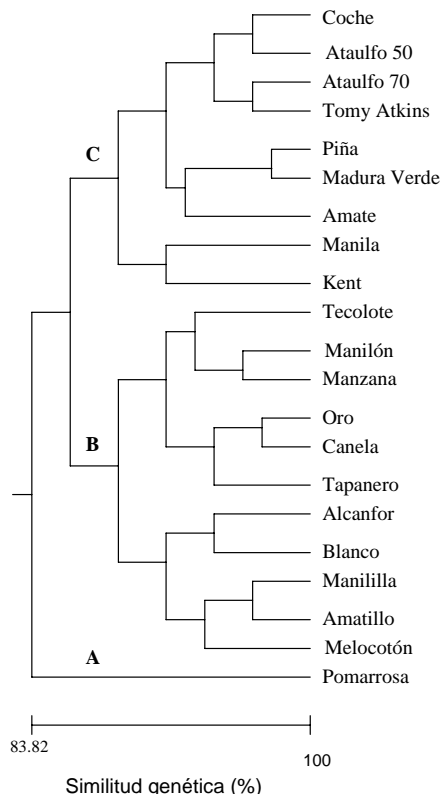


FIGURA 1. Dendrograma de similitud genética entre 21 genotipos de mango de Chiapas, Estado de México con base en isoenzimas y por el método UPGMA.

La cercanía genética entre la variedad 'Tommy Atkins' (de Florida, EUA) y 'Ataulfo' (México) pudiera explicarse

debido a que la primera deriva de variedades Mexicanas criollas del estado de Veracruz, México y es posible que compartan progenitores en común con las variedades Ataulfo, pues se cree que 'Ataulfo' también se originó en Veracruz.

CONCLUSIONES

El análisis isoenzimático de los mangos criollos del Soconusco, Chiapas, México indicó 83 % de similitud genética entre genotipos.

Las enzimas GPI-2 y GDH mostraron los mayores porcentajes de heterocigosidad y produjeron patrones de bandeo únicos entre genotipos analizados.

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen el financiamiento de este trabajo a la Fundación Produce-Chiapas (Proyecto: Identificación isoenzimática y molecular del mango Var. 'Ataulfo').

LITERATURA CITADA

- ANÓNIMO 2000. Secretaría de Agricultura Ganadería y Desarrollo Rural-Instituto Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias-PRODUCE Chiapas. (2000). Logros y aportaciones de la investigación al cultivo de mango 'Ataulfo' en Chiapas. Serie Agricultura. Tapachula, Chiapas, México. 145 p.
- BLACK, W. C. 1995. Statistical analysis of arbitrarily primed PCR patterns in molecular taxonomic studies, pp. 39-55. *In: Species Diagnostics Protocols. Methods in Molecular Biology*. 50. CLAPP, J. P. (ed.). Humana, Totowa, NJ.
- DEGANI, C.; EL-BASTRI, R.; GAZIT, S. 1990. Enzyme polymorphism in mango. *Journal for the American Society for Horticultural Science*. 115: 844-447.
- DEGANI, C.; COHEN, M.; EL-BASTRI, R. 1992. PGI isozyme diversity and its genetic control in mango. *Hort Science*. 27: 252-254.
- FELSENSTEIN, J. 1993. PHYLIP (Phylogeny Inference Package), version 3.5c. University of Washington. USA. 225 p.
- GINTANAWONGSE, S.; CHANGTRAGOON, S. 1999. Identification of cultivars and certification of hybrids in mango (*Mangifera indica* Linn.) by isoenzyme gene markers. *Proc. Sixth International Symposium on Mango*. Pattasa City, Thailand. 1: 6-9.
- GUZMÁN, E. C. 1998. Situación actual de la cadena productiva del Mango en México. *Foro Internacional de Mango y Otras Frutas Tropicales*. FIRA-Banco de México, CIANO, INIFAP, Mazatlán, Sinaloa. México. 75 p.
- KARIALOO, J. L.; DWTVEDI, Y. K.; ARCHAK, S.; GAIKWAD, A. B. 2003. Analysis of genetic diversity of Indian mango cultivars using RAPD markers. *The Journal of Horticultural Science & Biotechnology*. 78: 285-289.
- MATA, B. I.; MOSQUEDA, V. 1995. *La Producción de Mango en México*. Ed. Limusa. México. 159 p.
- NEI, M.; LI, W. H. 1985. Mathematical model for studying genetic variation

- in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America. 76: 5269-5273.
- URBANELLI, S.; SALLICANDRO, P.; DE VITO, F. 1998. Electrophoretic analytical technique for the genetic of mycorrizal fungi of the genus *tuber* and their mycelium and mycorrhiza, pp.127-149. *In: Micorrhyzal Manual*. A. VARMA (ed). Srpinger-Verlag. Berlin, Heidelberg. Germany.
- VÁZQUEZ, J. F.; SÁNCHEZ-YELAMO, M. D.; CARRILLO J. M. 2000. Marcadores morfológicos y bioquímicos, pp. 25-90. *In: Los Marcadores Genéticos en la Mejora Vegetal*. F. NUEZ; J. M. CARRILLO. (eds). Ed. U.P.V. Valencia, España.
- VILLEGAS, M. L. 1998. Estrategias para el desarrollo de marcadores en el mango de México. Foro Internacional de Mango y Otras Frutas Tropicales. FIRA-Banco de México, CIANO, INIFAP, Mazatlán, Sinaloa, México. 75 p.