

ISBN: 970-27-0770-6

ANTECEDENTES DE VARIACIÓN SOMACLONAL EN *Agave tequilana* WEBER VAR AZUL PROVENIENTE DE MICROPROPAGACIÓN

Martha Isabel Torres Morán¹
Moisés Martín Morales Rivera¹
Anne Santerre²

**¹Departamento de Producción Agrícola
Instituto de Manejo y Aprovechamiento de Recursos Fitogenéticos**
²Departamento de Biología Celular y Molecular

Antecedentes

La bebida jalisciense más reconocida a nivel mundial, es sin duda el tequila. Después de la aparición de la norma NOM-006 SCFI.1993 que marca los requisitos sanitarios del proceso de elaboración del tequila y de la publicación el 13 de octubre de 1997, en el Diario Oficial de la Federación de la Declaración General de Protección a la Denominación de Origen Tequila (NOM-006-SCFI-1994), la cadena productiva agave – tequila se vio modificada en algunos de sus “eslabones”, teniendo como resultado el cambio en ocasiones casi total, de las prácticas que se realizaban tradicionalmente, tanto en el cultivo como en la elaboración de la bebida; por otra parte, se incrementó la demanda nacional e internacional de la misma y la aparición de enfermedades en el cultivo propició que se generaran varias líneas de investigación.

Una de las áreas que ha intervenido en la propuesta de soluciones, es la biotecnología, aportando técnicas de micropropagación que se han utilizado con el objetivo de obtener plantas sanas para establecer cultivos libres de enfermedades. Sin embargo, no existe en la actualidad, un método probado que mantenga la uniformidad fenotípica de las plantas en campo y cada uno de los métodos, tiene diferente posibilidad de originar variación, que en este caso es llamada *variación somaclonal*.

La variación somaclonal se presenta con mayor frecuencia en los métodos indirectos, ya que parten de células des-diferenciadas, expuestas de forma más directa al medio ambiente de cultivo.

Es la variación genética originada en plantas que han sido sometidas a cultivo de tejidos, ésta proviene de células somáticas, de ahí su denominación. Dentro de la variación somaclonal, puede encontrarse casos de poliploidia, aneuploidia y a nivel celular pueden existir rompimiento y re-arreglo cromosómico, así como mutación. También puede ser una variación de orden epigenético, es decir, debido al medio ambiente (George, 1993).

El método que garantiza a un mejor nivel la conservación de las características del explante o de la planta madre, es aquel que utiliza la estimulación de órganos completos en la planta, y este es la proliferación de yemas axilares (Pierik, 1987).

En la práctica se ha observado que las plantas de agave que provienen de cultivo *in vitro*, muestran cambios fenotípicos que no les permiten ser aceptadas por los productores. Por otra parte, se ha reportado la existencia de un fenómeno llamado variación genética asexual (Infante, 2005) que ha creado la necesidad de monitorear la uniformidad genética de los individuos de esta especie que se someten a una propagación asexual masiva, tanto en campo como en laboratorio.

El objetivo del presente trabajo, es verificar las características genéticas de un grupo de individuos provenientes de micropropagación, utilizando ISTR (Inverse Sequence Tagged-Repeat).

Metodología

El trabajo fue realizado en la Universidad de Guadalajara (UdG), México, en el Centro Universitario de Ciencias Biológicas y Agropecuarias (CUCBA) y en el Instituto IDEA (Fundación de Estudios Avanzados), en Caracas, Venezuela, en el que se desarrolló la mayor parte del mismo.

Se realizó Extracción de ADN de brotes *in vitro* de los 13 clones de *A. tequilana* con el cual se realizaron PCRs para ISTR en todas las muestras. Se utilizó una muestra de *Agave cocui* para comparar así como con el ADN extraído de las hojas de algunos rizomas.

Resultados

La similitud entre clones y rizomas madre, se estimó por medio de análisis de agrupamiento. Las similitudes fueron calculadas con base en las matrices generadas con la información de los geles de acrilamida. Como medida de similitud entre muestras se usó el coeficiente de Jaccard. Con los valores se hizo el análisis de agrupamiento aplicando el método Promedio de Grupo (UPGMA) contenido en el del programa NTSYS 2.11 y los resultados se graficaron en un dendrograma.

En la Figura 1 se observa que entre *Agave tequilana* y *Agave cocui* no existe similitud, es notorio que *A. cocui* se muestra independiente del total de los materiales y en un gran grupo se agrupa *A. tequilana*, dentro de este grupo se puede observar la relación de parentesco entre muestras de ADN del hijuelo de rizoma y los brotes que generó en micropropagación (A10H4 y A10H4-H).

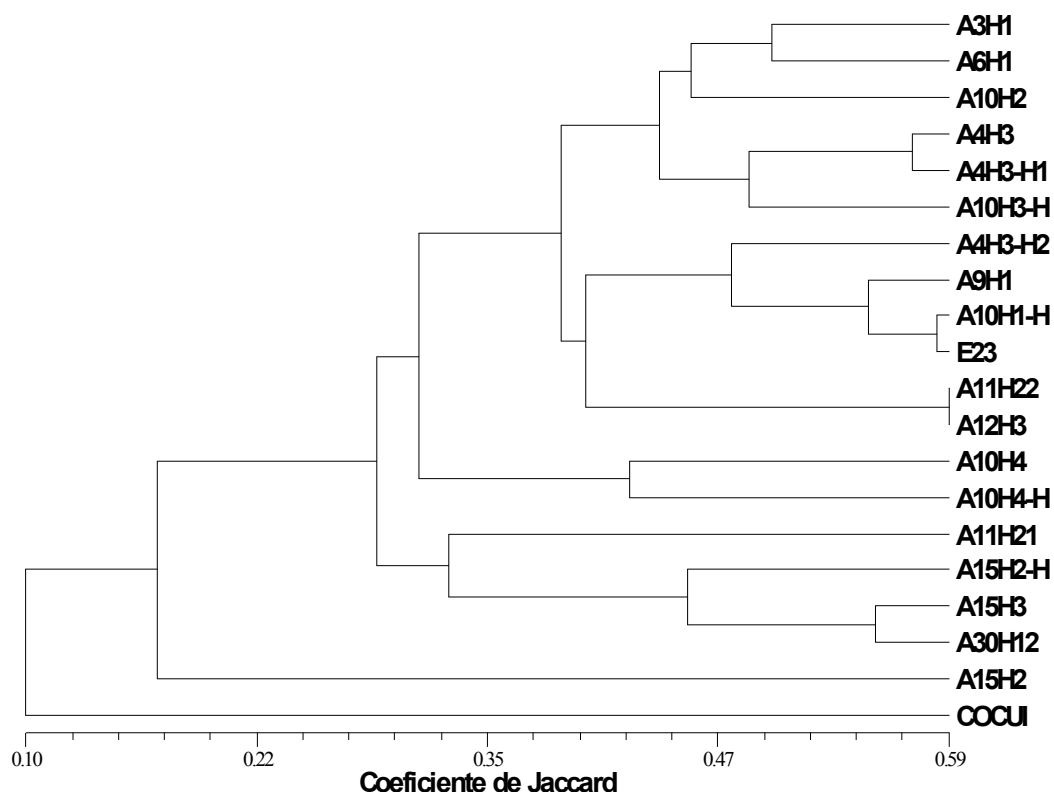


FIGURA 1. Dendrograma de muestras de *A. tequilana* y *A. Cocui* con las diferentes combinaciones de primers.

Bibliografía

1. George, E.F. 1993. Plant Propagation by Tissue Culture. In practice. 2° Ed. Exegetics Ltd England. Vol. I y II.
2. Infante,D., G. González, L. Peraza-Echeverría, M. Keb-Llanes. 2003. Asexual genetic variability in *Agave fourcroydes*. Plant Science 164:223-230
3. Pierik, R.L.M. 1987. *In vitro* Culture of Higher Plants. 3a ed. Kluwer Academic Publishers. Dordrecht. The Netherlands. pp. 187.