

TÉCNICAS MOLECULARES PARA LA CARACTERIZACIÓN DE GENOMAS VEGETALES (GARBANZO) Y ALGUNAS APLICACIONES POTENCIALES

SOME MOLECULAR TECHNIQUES TO CHARACTERIZE PLANT GENOMES (CHICKPEA) AND THEIR POTENTIAL APPLICATIONS

Ernestina Valadez-Moctezuma^{1*}, Günter Kahl, Juliane Ramser², Bruno Hüttel² y ³ Abraham Rubluo-Islas

^{1*} Universidad Autónoma Chapingo, Depto. de Fitotecnia. Km. 38.5 Carretera México-Texcoco, 56230 Chapingo, Estado de México. Tel y Fax: (01) 5952-1642. E-mail: evaladez@taurus1.chapingo.mx. ² Universidad Johann Wolfgang Goethe. Departamento de Biología Molecular de Plantas. Frankfurt am Main, Alemania. Tel. (69) 7982-9266. E-mail: kahl@em.uni-frankfurt.de. ³ Universidad Nacional Autónoma de México. Instituto de Biología. Circuito Interior, CD. Universitaria. C.P. 04510 México, D.F. Tel. (01) 5622-9048. E-mail: arubluo@ibunam.ibiologia.unam.mx

RESUMEN

La clasificación taxonómica de organismos generalmente involucra el análisis de sus características morfológicas. Sin embargo, los taxónomos tienen serios problemas al tratar de ubicar adecuadamente a individuos que perteneciendo a la misma especie, subespecie, variedad, línea, etc., presentan el mismo fenotipo. El fitomejorador necesita conocer sus plantas desde el punto de vista genético para incorporar eficientemente en sus programas a las que posean el mejor potencial; tal selección puede dificultarse si las plantas son fenotípicamente indistinguibles. Por lo general, los investigadores cruzan individuos sobresalientes y seleccionan las progenies, lo que les permite, a largo plazo, conformar variedades o líneas endogámicas. Este proceso es costoso económicamente y tardado. Con la finalidad de facilitar la apropiada selección de plantas, en la década pasada se desarrollaron técnicas moleculares que permiten conocer de manera inequívoca el perfil específico del ADN para establecer una tipificación única y confiable, referida como "huellas de ADN", así como la detección de marcadores asociados a diferentes aspectos tales como, resistencia a patógenos, a estrés o a rendimiento, entre otros. Por otro lado, estas técnicas también han permitido elaborar mapas genéticos en menor tiempo y conducir programas de mejoramiento genético más eficientes. El objetivo de este trabajo es describir algunas de estas técnicas utilizadas para tipificar genomas vegetales, e ilustrar con resultados propios aquéllas que son particularmente eficientes en el cultivo del garbanzo (*Cicer arietinum* L.).

Palabras clave: *Cicer arietinum* L., ADN, PCR, RFLP, RAPD, AMP-PCR, MP-PCR, AFLP, RAMPO, fitomejoramiento, fenotipo, genotipo.

SUMMARY

The taxonomic classification of organisms generally involves the analysis of their morphologic characteristics. However, taxonomists have serious problems trying to locate, in a suitable manner, individuals who belong to the same species, subspecies, variety, accession, etc., with identical phenotypes. The breeder needs to identify his plants, from a genetic point of view, in order to incorporate efficiently in his programs, those who possess the best potential; such selection may become difficult if plants are phenotypically indistinct. Researchers usually cross outstanding individuals and select the offspring, which allows them, in a long term, to make endogamic varieties. This process is very expensive and very slow. In order to facilitate the appropriate plant selection, during the past decade, molecular techniques were developed to determine with precision the specific DNA profile, which allows to establish a unique and trustable typification called "DNA fingerprints", and the detection of markers that are related to different aspects such as pathogen or stress resistance, or yield, among others. On the other hand, these techniques have also granted two things: the elaboration of genetic maps in a lesser time, and the making of more efficient programs in the genetic breeding. The purpose of this work is to describe some of these techniques, normally used to typify plant genomes, and show with its own results those who are particularly efficient for the chickpea (*Cicer arietinum* L.).

Index words: *Cicer arietinum* L., ADN, PCR, RFLP, RAPD, AMP-PCR, MP-PCR, AFLP, RAMPO, plant breeding, phenotype, genotype.