



Se imparte curso taller sobre "Uso de herramientas biotecnológicas para el diagnóstico de enfermedades y mejoramiento genético de plantas"

Del 30 de agosto al 1º de septiembre de 2022, en el Campo Experimental Río Bravo (CERIB), del Centro de Investigación Regional Noreste (CIRNE) perteneciente al Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), se realizó el curso-taller: "Uso de herramientas biotecnológicas para el diagnóstico de enfermedades y mejoramiento genético de plantas". El objetivo del curso-taller fue capacitar a los asistentes en el uso y aplicaciones de las herramientas básicas moleculares para el diagnóstico de enfermedades y el mejoramiento genético de plantas asistido por marcadores moleculares.

El evento se realizó de forma híbrida (presencial y digital a distancia) con un total de 15 asistentes, entre investigadores de los Campos Experimentales Las Huastecas, Saltillo y Río Bravo, técnicos de empresas semilleras y estudiantes de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro.

El M.C. Jaime Piña Razo, Director del CIR Noreste dio la bienvenida a los participantes y mencionó que la Biotecnología es un área multidisciplinaria, que anteriormente se utilizaba principalmente en la medicina, y en la actualidad ha cobrado gran importancia en la producción de alimentos, lo cual es una parte sustantiva para incrementar la producción en los sectores agropecuario y forestal para poder cubrir las demandas alimenticias de la población mundial.



El M.C. Jaime Piña Razo, Director del CIR-Noreste, da la bienvenida al grupo de asistentes e inaugura el Curso-Taller.

El Dr. Isidro Humberto Almeyda León, Investigador del C.E. General Terán, presentó los temas: Conceptos básicos del ADN; Reacción en



Cadena de la Polimerasa-Punto final; y Uso y aplicación de los marcadores moleculares en la agricultura, donde se abordaron los conceptos de la replicación del Ácido Desoxirribonucleico (ADN), la transcripción del Ácido Ribonucleico (ARN), y la traducción (síntesis de proteínas).

Así mismo, hizo mención de la invención de técnicas moleculares, a partir del descubrimiento de la estructura de doble hélice del ADN, y su implementación en el diagnóstico de enfermedades de importancia agrícola y en la detección cuantitativa de los patógenos que ocasionan esas enfermedades; así como su aplicación en el mejoramiento genético tradicional de plantas, asistido por marcadores moleculares; señalando como ejemplos la búsqueda de genes involucrados en la resistencia a sequía en sorgo, y la tolerancia a la marchitez, en Chile.

El Dr. Rosendo Hernández Martínez, Investigador del Programa de Maíz, adscrito al C.E. Río Bravo, impartió el tema: Aplicaciones de los marcadores moleculares para la formación de híbridos en maíz, cuyo objetivo es predecir las posibles combinaciones híbridas, con base en la divergencia entre pares de líneas y evaluar la eficiencia en comparación a los métodos genotécnicos tradicionales.

El Dr. Hernández Martínez, expuso como ejemplo un trabajo en maíz, el cual consistió en utilizar 22 marcadores SSR para determinar el perfil genético de 37 líneas, con las cuales se estimaron las distancias genéticas modificadas. El uso de estas herramientas permitió un poder predictivo útil en la formación de híbridos de maíz, por lo cual se le consideran herramientas con altas perspectivas de uso en programas de mejoramiento genético de maíz.

El Dr. Reinaldo Méndez Aguilar, Investigador y Jefe del Campo Experimental Huastecas (CEHUAS), centró su participación sobre el uso de los marcadores moleculares en soya. Mencionó que en México la roya asiática de la soya causada por *Phakopsora pachyrhizi* reduce el rendimiento del cultivo desde un 25 hasta un 80 por ciento. El uso de variedades de soya resistentes es la estrategia más rentable para el manejo de esta enfermedad; por lo que el grupo de investigadores de soya del INIFAP-CIRNE-CEHUAS, en colaboración con el Japan International Research Center for Agricultural Sciences (JIRCAS) están trabajando para determinar las características patogénicas de poblaciones mexicanas de *P. pachyrhizi*, con la finalidad de encontrar resistencia eficiente a dicho patógeno en germoplasma de soya.

Los investigadores del CEHUAS, encabezados por los M.C Nicolás Maldonado, Guillermo Ascencio Luciano y Julio César García Rodríguez, han encontrado tres genes de resistencia, que se expresan en las variedades de soya Huasteca 400 y Huasteca 700; concluyendo así que el uso de germoplasma con múltiples genes de resistencia



AGRICULTURA

SECRETARÍA DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL

inifap

Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

será útil para desarrollar variedades de soya resistentes a la roya asiática en México, lo cual permitirá obtener mayores ganancias en la producción de esta oleaginosa.

La M.C. Melina López Pecina, versó su participación en el uso de herramientas bioinformáticas para el desarrollo de oligonucleótidos, haciendo énfasis sobre el GenBank como una colección pública de secuencias de nucleótidos, que incluye secuencias de ARNm con regiones codificantes, ADN genómico correspondiente a uno o varios genes y ARN ribosómico. También señaló que en el Centro Nacional de Biotecnología de Información de Estados Unidos de Norteamérica (NCBI), existen el Laboratorio Europeo de Biología Molecular (EMBL), y la Base de Datos de ADN de Japón (DDBJ), por sus siglas en inglés, Igualmente hizo mención de la existencia de varios programas para el diseño de oligonucleótidos, los más utilizados son: Primer 3, OligoAnalyzer, PrimerBlast y Amplifix. Con base en lo anterior, y como parte del taller se realizó la búsqueda de secuencias en la base de datos del NCBI para el diseño de oligonucleótidos, mediante el programa oligonucleótido blast.



Personal científico y técnico realizando la electroforesis, para verificar la cantidad y calidad del ADN.

La parte práctica del curso se realizó el 31 de agosto y el 1º de septiembre; actividades a cargo de la Dra. María Genoveva Álvarez Ojeda. Se inició con la parte de extracción de ADN, con el método de CTAB modificado, a partir de plántulas de sorgo, maíz, tubérculo de papa y hojas de cítricos que presentaban síntomas de moteado difuso en el envés de la hoja. Se procedió a cortar la nervadura y se realizó la maceración con un mortero esterilizado, con ayuda de nitrógeno líquido; después para verificar la cantidad y calidad del ADN extraído de las diferentes muestras procesadas se realizó la electroforesis en geles de agarosa al uno por ciento. Posteriormente se realizó la detección del patógeno asociado al síndrome de punta morada de la papa, mediante la técnica de

la Reacción en Cadena de la Polimerasa-Punto final, amplificando un fragmento correspondiente al gen que codifica para el ADN ribosomal 16S de *Candidatus Liberibacter solanacearum*, a partir de una muestra de tubérculo de papa. Para finalizar el curso-taller se efectuaron



diversas prácticas de electroforesis en geles de agarosa y de poliacrilamida y se discutieron los resultados del evento, con la participación de todos los asistentes al curso.



La Dra. Álvarez Ojeda, explicando las condiciones de la técnica de PCR punto final.

Al término del curso-taller, el Ing. Javier González Quintero, Jefe de Campo del CERIB, destacó la importancia de este tipo de eventos en la formación y capacitación del personal investigador y técnico de las instituciones del sector agropecuario.





AGRICULTURA
SECRETARÍA DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL

inifap
Instituto Nacional de Investigaciones
Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Fin del curso taller, algunos de los asistentes en el curso-taller "Uso de herramientas Biotecnológicas para el diagnóstico de enfermedades y mejoramiento genético de plantas".