

Anexo 4
Formato para presentación de propuestas

1.- DATOS GENERALES DE LA DEMANDA A ATENDER		
Nº demanda	Nombre de la Demanda a la que atenderá con esta propuesta	
interno	interno	
Estado(s)	Municipio(s)	Fecha (DD/MM/AA)
Toda la República		30/08/2014
Beneficiarios específicos de los resultados o productos de la propuesta		
Comisión Nacional Forestal		
Lugar de aplicación de los resultados o productos de la propuesta		
En toda la República Mexicana		
2. DESCRIPCIÓN DE LA PROPUESTA		
Título de la propuesta		
Fomento y operación del subsistema de recursos genéticos forestales dentro del Centro Nacional de Recursos Genéticos (CNRG) (Componente Determinación de la Estabilidad Genética)		
Antecedentes		
<p>La micropropagación de plantas leñosas constituye uno de los mayores éxitos en la aplicación de la técnicas de cultivo <i>in vitro</i>. Sin embargo, un aspecto importante a ser considerado cuando se generan cientos de plantas a través de la micropropagación, es la conservación de la integridad genética con respecto a la planta madre. En este aspecto, la variación somaclonal ha sido reportada en diferentes niveles (morfológica, citológica, citoquímica, bioquímica y molecular) en varias especies propagadas <i>in vitro</i> (Rani & Raina, 2000).</p> <p>Las consecuencias de económicas de la variación somaclonal en las plantas propagadas mediante esta vía son enormes, debido a que las especies leñosas tienen ciclos de vida largos, siendo posible la evaluación de los posibles efectos, hasta después de la larga fase juvenil en campo. La ocurrencia de la variación somaclonal es un aspecto de gran preocupación en cualquier sistema de micropropagación.</p> <p>A fin de evaluar su presencia, diferentes estrategias han sido empleadas para detectar los variantes somaclonales, basadas en una o más características, que incluyen desde caracteres morfológicos, análisis citogenéticos (variación estructural y numérica en los cromosomas), y marcadores bioquímicos y moleculares (Rani <i>et al.</i>, 1995). Adicionalmente, los estudios en variación somaclonal son importantes para su control y posible supresión con el fin de producir plantas genéticamente idénticas, así como para su uso como una herramienta para producir variabilidad genética, la cual pueda ayudar a los mejoradores en el mejoramiento genético. Cabe mencionar que la variación somaclonal ha sido estudiada extensivamente en especies herbáceas, mientras que existen muy pocos reportes en especies leñosas (Chandrika & Rai, 2009; Gaafar & Saker, 2006; Leva & Petruccelli, 2012; Padma & Ravishankar., 2013; Rout <i>et al.</i>, 2009).</p>		

Justificación

En la naturaleza, la diversidad y variabilidad genética dentro de una población son generadas mediante los eventos de recombinación. Factores como la selección natural, mutación, migración y tamaño de la población tienen un impacto en la variabilidad en diferentes formas. En 1958 una nueva fuente de variabilidad genética, artificialmente producida, fue reportada (Steward, 1958), las células vegetales de plantas vasculares cultivadas *in vitro* mostraron inestabilidad genética, la cual también fue detectada en los materiales propagados *in vitro*. El cultivo de tejidos vegetales *in vitro* y el proceso de regeneración en una planta completa es un proceso asexual que involucra únicamente la división mitótica de las células, En este contexto, la ocurrencia de variación espontánea aleatoria y descontrolada, puede ser un problema cuando se trata de conservar la integridad genética, e inclusive en la conservación de los recursos genéticos (Karp 1994).

Usualmente, este cambio puede ocurrir de manera espontánea y puede resultar en un cambio genético temporal o permanente en células o tejidos durante el proceso de cultivo. Los cambios temporales resultan de cambios epigenéticos o fisiológicos que son reversibles y no heredables (Kaepler *et al.*, 2000). En contraste, los cambios permanentes son heredables y frecuentemente representan la expresión de la variación pre-existente en el material original o una variación *de novo* (Larkin & Scowcroft, 1981). La literatura actual señala que la variación somaclonal puede presentarse en varios niveles, desde un carácter específico hasta en la planta completa. Cabe señalar que un aspecto positivo de la variación somaclonal es que los nuevos variantes pueden ser una fuente valiosa de material inicial para procesos de mejoramiento genético.

Existen diferentes metodologías para estimar la integridad genética de las plantas propagadas *in vitro*. Estas metodologías incluyen desde descripciones morfológicas, análisis fisiológicos, estudios citológicos y bioquímicos (Gupta & Varshney, 1999), evaluaciones en campo y estudios moleculares (Devarumath *et al.*, 2007). De estas metodologías, las técnicas moleculares representan una herramienta poderosa para la evaluación de la integridad genética en las plantas propagadas *in vitro*. Diferentes marcadores basados en DNA han sido propuestos para evaluar la integridad genética en plantas, incluyendo aquellas que no presentan cambios fenotípicos obvios (Rahman & Rajora, 2001). Dentro de estos marcadores, los ISSRs (Zietkiewics *et al.*, 1994) y RAPDs (Williams *et al.*, 1990) han sido de los más utilizados.

El sistema de los ISSRs tiene la ventaja sobre otros tipos de marcadores de que no se requiere del conocimiento previo de las secuencias flanqueantes de la repetición, y por lo tanto tienen un amplio rango de aplicación. Además, a diferencia de los RAPDs, los resultados son reproducibles a través de laboratorios, lo cual los convierte en un sistema de fácil implementación. Este tipo de marcadores ha sido utilizado en estudios de diversidad genética en poblaciones silvestres de la planta medicinal *Emmenopterys henry* (Li & Jin, 2008) y *Swertia chirayita* (Joshi & Dhawan, 2007). También han sido utilizados para analizar la integridad genética en cultivos de *Robinia ambigua* (Guo *et al.*, 2006), *Ochreinauclea missionis* (Chandrika & Rai, 2009), *Prunus dulcis* (Sarmiento *et al.*, 2005), *Musa spp* (Rout *et al.*, 2009) entre otros. Por lo anterior, la presente propuesta plantea utilizar marcadores ISSRs para evaluar la integridad genética de las plantas propagadas por embriogénesis somática.