

# ÍNDICE

	Página
<b>Resumen</b>	i
<b>1. Introducción</b>	1
<b>2.- Antecedentes</b>	2
2.1. Diversidad genética en <i>Musa sp</i>	2
2.2. Clasificación	2
2.3. Importancia nutricional	3
2.4. Importancia del cultivo	4
2.5. Condiciones ecológicas limitantes para el cultivo de banano	5
5.1. Condiciones hídricas	5
5.1.1. Déficit hídrico	5
5.1.2. Exceso de agua en el suelo y alta humedad relativa	6
5.2. Temperatura	7
5.2.1. Temperaturas altas	7
5.2.2. Temperaturas bajas	7
2.6. Mejoramiento genético	7
2.7. Marcadores moleculares	8
7.1. Marcadores de ADN	9
7.1.1. Ventajas y aplicaciones de los marcadores de ADN	11
2.8. Secuencias Ortólogas Conservadas (COS MARKERS)	11
8.1. Betaina Aldehído Deshidrogenasa (BADH) y Pirrolina 5-Carboxilato Sintetasa (P5CS)	12
<b>3. Planteamiento del problema</b>	16
<b>4. Objetivos</b>	17
4.1. Objetivo general	17
4.2. Objetivos específicos	17
<b>5. Justificación</b>	18
<b>6. Materiales y métodos</b>	19
6.1. Diseño experimental	19
6.2. Definición del gen y diseño de oligonucleótidos	20
6.3. Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR) por gradientes	20
6.4. Electroforesis	22
6.5. Selección y recuperación de fragmentos	22
6.6. Ligación	22
6.7. Clonación	23
6.8. Selección de colonias.	24
6.9. Minipreparación de ADN plasmídico	24
6.10. Secuenciación de clones	25

6.11. Análisis bioinformático	25
<b>7. Resultados y discusiones</b>	26
7.1. Reacción en Cadena de Polimerasa (PCR) por gradientes	26
7.2. Ligaciones	31
7.3. Clonaciones	31
7.4. Minipreparación de ADN	31
7.5. Secuenciación de clones y análisis bioinformático	33
<b>8. Conclusión</b>	38
<b>9. Referencias bibliográficas</b>	39
<b>10. Anexos</b>	43
10.1. Anexos A	43
10.2. Anexos B	48
<b>11. Lista de abreviaturas</b>	57

## ÍNDICE DE TABLAS

	Página
<b>Tabla 1.</b> Valor nutricional del banano por cada 100 g de fruta.	4
<b>Tabla 2.</b> Secuencias de los oligonucleótidos degenerados para la amplificación de la Pirrolina 5-Carboxilato Sintetasa (P5CS) y la Betaina Aldehído Deshidrogenasa (BAD) en <i>M. acuminata</i> y <i>M. balbisiana</i> .	20
<b>Tabla 3.</b> Composición y concentraciones del coctel de reacción de PCR.	21
<b>Tabla 4.</b> Composición y concentraciones del coctel de ligación.	23
<b>Tabla 5.</b> Total de homologías encontradas en el análisis de las secuencias amplificadas al utilizar los oligonucleótidos degenerados para P5CS.	35
<b>Tabla 6.</b> Total de homologías encontradas en el análisis de las secuencias amplificadas al utiliza los oligonucleótidos degenerados para BAD.	36
<b>Tabla 7.</b> Homologías de las secuencias P5CS obtenidas de la base de datos.	43
<b>Tabla 8.</b> Homologías de las secuencias BAD obtenidas de la base de datos.	46

## RESUMEN

Los bananos y plátanos pertenecen al género *Musa*. Estas plantas producen frutos que se exportan, ocupando el cuarto lugar de la producción en el mundo, después del arroz, el trigo y el maíz.

En México la producción del plátano representa una de las actividades agrícolas de mayor impacto económico, ocupando el quinto lugar. La producción de estos frutos se ve alterada debido a la presencia de adversidades climáticas (estrés abiótico) tales como; cambios de temperatura, déficit hídrico, etc., los cuales causan diferentes desórdenes fisiológicos en las plantas permitiendo, por ejemplo, la aparición de manchas en la cáscara del fruto al tener una maduración precoz de los mismos, muerte de las raíces, inhibición del crecimiento de la planta, entre otros. La solución de estos problemas requiere conocer qué elementos participan en este desorden fisiológico, que afectan en gran manera los costos de producción de los frutos del plátano y banano.

Es importante indicar que la investigación genética en banano y plátano ha sido relativamente pobre hasta los últimos años. Existen pocos marcadores moleculares en *Musa spp.*, para estudiar las diferentes características genéticas de cultivo.

El uso de marcadores moleculares acelera los programas de mejoramiento genético. Así mismo, pueden ser utilizados en la identificación de grupos de genes que pueden proporcionar resistencia a enfermedades y colaborar con la búsqueda y selección de nuevas variedades de frutos con características comercialmente deseadas.

Los genes marcadores COS pueden desempeñar papeles que son importantes en todas las especies. Uno de los motivos principales para identificar marcadores COS es proveer secuencias para realizar mapeos genómicos entre diversas especies de plantas.

El objetivo del presente trabajo consistió en amplificar e identificar posibles secuencias COS, en este caso, de genes asociados o involucrados en las respuestas de resistencias a factores abióticos, en las especies silvestres de *Musa acuminata* (genotipo A) y *Musa balbisiana* (genotipo B), mediante el uso de la técnica de PCR, o Reacción en Cadena de la Polimerasa, que es una tecnología utilizada para amplificar fragmentos específicos de ADN con la finalidad de detectar una secuencia o gen de interés en el genoma del individuo en estudio, en este caso de los plátanos y bananos. Tales fragmentos fueron secuenciados y después analizados mediante bioinformática.