

MCF-O.22

CARACTERIZACIÓN MOLECULAR DE LÍNEAS TRANSGÉNICAS DE SOYA (*Glycine max* L.) RESISTENTES A GLIFOSATO MEDIANTE LAS TÉCNICAS DE RAPD, ISSR Y SSR.

*Celia Delgado*¹, *Oreste Corrales*¹, *Yuniet Hernández*², *Natacha Soto*¹, *Odett Céspedes*¹ y *Gil Enríquez*¹

¹Centro de Ingeniería Genética y Biotecnología, Cuba

²Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas, Cuba

email: celia.delgado@cigb.edu.cu

RESUMEN. En Cuba, desde el 2008, se desarrolla un programa de mejoramiento genético de la soya que incluye la introgresión del evento GTS 40-3-2 (confiere resistencia al herbicida Glifosato) en variedades cubanas. El siguiente trabajo tuvo como objetivo asociar un fenotipo molecular a las líneas transgénicas élites generadas en dicho programa usando las técnicas RAPD, SSR y ISSR. Se evaluaron cinco marcadores RAPD y SSR, y cuatro ISSR para establecer un perfil electroforético de ADN genómico específico para las líneas de soya transgénica I1B2-2, I1B2-3, I1B4, I36B4 y RP5 y sus parentales. Los marcadores RAPD generaron seis perfiles electroforéticos que identificaron a las líneas I1B2-3, I1B4 e I36B4, y a las variedades IncaSoy-36 y CEB4. Los marcadores ISSR y SSR generaron perfiles electroforéticos que identificaron a la variedad CEB4 y a la línea RP5, respectivamente. El marcador UBC-240 de RAPD detectó un fragmento polimórfico de 546 pb específico de la variedad IncaSoy-36 y su descendencia, cuya secuencia tuvo un 99,08 % de similitud con una región del cromosoma 14 de la soya. A partir de la secuencia del fragmento polimórfico y de la región adyacente al fragmento se diseñaron cebadores que amplificaron en todas las líneas y parentales, lo que sugirió que esa región es conservada en el genoma de esta leguminosa. Los resultados de los tres sistemas de marcadores se analizaron con el programa estadístico PAST, se aplicó el método UPGMA y se utilizó el coeficiente de Dice. El dendrograma obtenido permitió formar cuatro grupos principales que asociaron a cada línea con uno de sus parentales. La técnica RAPD fue la más idónea para identificar las líneas y variedades analizadas en nuestro estudio.