

ESTRATEGIA PARA EL ESTUDIO DE LAS ALTERACIONES MOLECULARES QUE CAUSAN LA VARIACIÓN SOMACLONAL EN BANANO

Carlos Noceda^{*123}, José Flores²⁴, Efrén Santos²³, Roberto Burbano³⁵, Esther Peralta², Daynet Sosa²

¹Investigador Prometeo-Senescyt, Ecuador

²Centro de Investigaciones Biotecnológicas del Ecuador (CIBE), Escuela Superior Politécnica del Litoral (ESPOL), Vía Perimetral Km. 30.5, Guayaquil, Ecuador

³Facultad de Ingeniería Mecánica y Ciencias de la Producción (FIMCP), ESPOL, Guayaquil, Ecuador

⁴Facultad de Ingeniería Marítima, Ciencias Biológicas, Oceánicas y Recursos Naturales (FIMCBOR), ESPOL, Guayaquil, Ecuador

⁵Sociedad Ecuatoriana de Biotecnología C.A. (SEBIOCA), ESPOL, Guayaquil, Ecuador

Autor principal/Corresponding author, e-mail: cnoceda@espol.edu.ec

Resumen

La variación somaclonal es frecuente en cultivo *in vitro* de tejidos vegetales. Estas variaciones pueden observarse a nivel fenotípico, pero son frecuentemente causadas por alteraciones genéticas y/o epigenéticas originadas durante el proceso propagativo. Otras veces son variaciones preexistentes que se manifiestan mediante la desaparición de una característica predominante debida a subdivisión de estructuras durante la etapa de multiplicación. Muchos de los cambios ocurridos, especialmente si son regulados por la célula, revierten una vez desaparecen las condiciones que los originan. Otras veces permanecen, dando lugar a somaclones que, en ocasiones, son de interés económico. La detección temprana de variantes somaclonales permite agilizar programas de producción y mejora, mediante descarte de variantes indeseables o explotación de variantes de interés, respectivamente, y, junto con la información que pueda obtenerse acerca de las causas moleculares, puede ayudar además a modular la metodología de cultivo en función de los objetivos. Todo ello puede hacerse más eficiente mediante un diseño experimental que permita el control de la genealogía de los regenerantes y de la posición anatómica de los explantos iniciales y en cada subcultivo, así como una selección adecuada de los tejidos que se vayan a someter a análisis molecular. Éste ha de optimizarse en cuanto a información obtenida/coste. Las técnicas de secuenciación de última generación son opciones a tener en cuenta. Es importante además un seguimiento de la descendencia de los regenerantes. En la exposición se presentará una estrategia para el estudio de la variación somaclonal en banano, un modelo para investigaciones sobre micropropagación.