



# XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



## AVANCES EN LA SECUENCIACIÓN Y CONSTRUCCIÓN DE UN MAPA GENÓMICO FUNCIONAL DEL cpDNA DE *Bouteloua gracilis*.

Luz Elena Palma-Cano<sup>1</sup>, Cristina Gómez-Valenzuela<sup>1</sup>, Andrés Nevárez-Díaz De León<sup>1</sup>, Blanca Rivera-Chavira<sup>1</sup>, Francisco Zavala-Díaz de la Serna<sup>1</sup>, Armando Aguado-Santacruz<sup>2</sup>, Sigifredo Arévalo-Gallegos<sup>1</sup>, Quintín Rascón-Cruz<sup>1</sup>. <sup>1</sup>Universidad Autónoma de Chihuahua, Facultad de Ciencias Químicas, Circuito 1, Campus Universitario #2. C.P. 31125, Tel.:614 2366000. [grascon@uach.mx](mailto:grascon@uach.mx). <sup>2</sup>Instituto Nacional de Investigación Forestales Agrícolas y Pecuarias, Campus Bajío. Guanajuato, Gto.

*Palabras clave:* cpDNA, *Bouteloua gracilis*, genómica funcional.

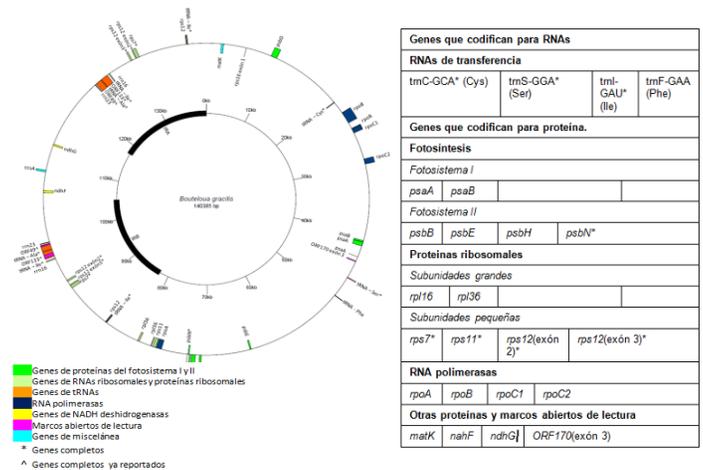
**Introducción.** El conocer la secuencia de DNA es uno de los puntos de partida para entender como interaccionan los genes y sus productos para expresar caracteres en las diferentes fases de la vida de un organismo. La genómica estructural y funcional facilita dicho entendimiento al asignar una función a las secuencias genómicas y sus productos mediante homología con secuencias y estructuras ya determinadas así como con análisis del transcriptoma, proteoma y metaboloma (2). El pasto llamado *Bouteloua gracilis* conocido como zacate navajita es una especie con un gran potencial forrajero y es considerada como la primera especie en importancia agronómica por su calidad forrajera en las zonas áridas y semiáridas de México (1).

En el presente trabajo se construyó un mapa genético funcional basado en la secuencia del DNA cloroplastídico de *Bouteloua gracilis*.

**Metodología.** Se realizó extracción del cpDNA de *B. gracilis* a partir de células clorofílicas por el método de gradiente de sacarosa modificado, fragmentado con EcoRI y BamHI ligado al vector de clonación pUC19. Para su secuenciación se seleccionaron fragmentos de entre 300-2200 pb y las secuencias obtenidas se editaron con el software BioEdit. Se asignó identidad y función utilizando BLAST del NCBI y se determinó su posible localización dentro del genoma cloroplastídico de *Zea mays*, con el software DOGMA se armó un mapa genético y con el programa online GenomeVx se circularizó.

**Resultados.** Para su secuenciación se escogieron aquellos productos de PCR que presentaron un tamaño entre 205-2763 pb. Un total de 87 fragmentos fueron secuenciados y se cotejaron con la base de datos del NCBI. Se determinó que de estas secuencias 51 correspondían al genoma cloroplastídico, 16 correspondieron a genoma mitocondrial y 8 a genoma nuclear, esta evidencia indica que el método utilizado rindió una fracción enriquecida de cpDNA, sin embargo, esta presentó contaminación con DNA mitocondrial y nuclear. El análisis comparativo mostró que de las 51 secuencias de cpDNA, 26 no se encontraban repetidas y fueron utilizadas para el ensamblaje del mapa genético (Figura 1). Los genes que se identificaron dentro de estas

secuencias corresponden a genes típicamente encontrados en los genomas cloroplastídicos los cuales se muestran en la Tabla 1.



**Fig. 1.** Mapa parcial de DNA cloroplastídico de *B. gracilis* generado por DOGMA.

**Tabla 1.** Resumen de genes cloroplastídicos identificados.

**Conclusiones.** De la secuenciación de 87 clonas de la biblioteca genómica, 51 corresponden a cpDNA, de las cuales 26 fueron utilizadas para el ensamblaje de un mapa parcial del cpDNA de *B. gracilis*. El análisis comparativo de estas secuencias con el genoma cloroplastídico de *Zea mays*, permitió la identificación y posicionamiento de los genes homólogos a este genoma. El mapa corresponde al 16.35 % del genoma cloroplastídico de *B. gracilis*, por ello su completa secuenciación requiere del seguimiento del trabajo.

**Agradecimiento.** A CONACYT por la beca proporcionada para la realización de la tesis.

### Bibliografía.

- Hanelt, P. (2001). Mansfeld's encyclopedia of agricultural and horticultural crops. Cap 5.
- Zarembinski, T., Hung, L.W., Mueller-Dieckman, J., K.K., Yokota, H., Kim, R. y Kim, S.H. (1998). Structural genomics of *M. jannaschii*. Proc. Natl. Acad. Sci. 15:15189-15193.