



# XIV Congreso Nacional de Biotecnología y Bioingeniería



## DIVERSIDAD GENÉTICA EN VARIEDADES DE *Ricinus communis* DE DEFERENTES REGIONES DE LA REPÚBLICA MEXICANA UTILIZANDO RAPDs

Melesio Gutiérrez-Lomelí, Julio César Zúñiga-Leyva, Felipe Loeza-Román, Carmen Lizette Del-Toro-Sánchez, Mireya Zoila Reyna-Villela, Daniel Bravo-Rojas

Universidad de Guadalajara, Centro Universitario de la Ciénega, Departamento de Ciencias Médicas y de la Vida.. Av. Universidad 1115, Col. Linda Vista, CP 47810, Ocotlán, Jalisco, México, [melegl@hotmail.com](mailto:melegl@hotmail.com)

*Palabras clave:* *Ricinus communis*, RAPDs, Diversidad genética.

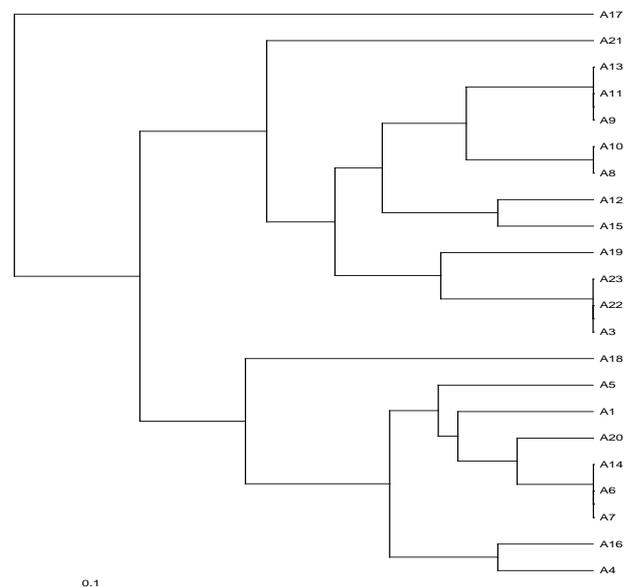
**Introducción.** *Ricinus communis*, también conocida como haba de castor, castor, higuera, etc., es un miembro de la familia *Euphorbiaceae*, originaria de África e India. Sin embargo, hoy en día, se encuentra de forma natural y cultivada en muchos países del mundo (1). Actualmente, el uso de la higuera, junto con la *Jatropha* (planta perteneciente a la misma familia), reciben principal interés por su producción de biodiesel, como cultivos alternativos para la producción de biocombustibles por sus aceites, por considerarse sustitutos de combustibles fósiles en la reducción de gas con efecto invernadero (2). Los RAPDs han sido ampliamente utilizados, sobretodo en la caracterización de especies de *Jatropha* (3, 4), sin embargo, hay muy pocos estudios realizados sobre la planta de higuera y más aún en plantas cultivadas en territorio mexicano.

**Objetivo.** Determinar la diversidad genética en variedades de *Ricinus communis* de diferentes regiones de la República Mexicana utilizando RAPD's.

**Metodología.** Se recolectaron 22 variedades de higuera, perteneciente a la colección de plantas del laboratorio de Biotecnología Vegetal del Centro Universitario de la Ciénega, las cuales provienen de diferentes regiones de la República Mexicana. Para la extracción del DNA se siguió el método propuesto por Doyle y Doyle (5), con algunas modificaciones. Para las condiciones de la PCR se trabajó con un volumen final de reacción de 10  $\mu$ L (DNA 10 ng, Taq 1 U,  $MgCl_2$  3 mM, decámero [20 decámeros, Operon technologies Inc, USA] 0.4  $\mu$ M, dTNPs 0.2 mM, buffer 1 X). Se comenzó con un ciclo de 5 min a 94°C, seguido de 43 ciclos (1 min a 94°C, 1 min a 35°C, y 2 min a 72°C), por último un ciclo de 7 min a 72°C.

**Resultados.** El decámero OPT18 fue el que detectó mayor porcentaje de polimorfismo. A partir de la matriz de similitud basada en el coeficiente de similaridad de Jaccard, se realizó la construcción del dendograma, en donde se puede observar dos grupos principales (Fig. 1). Se pudo determinar que existe variabilidad genética en plantas, aún de las provenientes de la misma región, esto puede deberse a las diferentes zonas de muestreo. Cabe mencionar que las plantas que provienen de Oaxaca fueron más similares que las demás, ya que se agrupan

en el mismo cluster. Siendo la muestra de A17 (Tehuizingo Puebla) las más diferente de todas las variedades estudiadas. Se pretende ampliar estos resultados utilizando la técnica de AFLPs.



**Fig. 1.** Dendograma de las 22 variedades de *Ricinus* basados en el coeficiente de similaridad de Jaccard.

A1, A3 a A6 = Tepatlán, Jalisco; A7 = Ocotlán, Jalisco; A8 a A15 = Zapotlanejo, Jalisco; A16 = Jiquipán, Michoacán; A17 y A20 = Tehuizingo, Puebla; A18 = Santiago de Ayala, Hidalgo; A19 = Yodotepec, Hidalgo; A21 a A23: Oaxaca.

**Conclusiones.** Se logró la determinación de la diversidad genética en plantas de *Ricinus communis* de diferentes regiones de México utilizando RAPDs.

**Agradecimiento.** Este trabajo fue financiado por COECYTJAL, proyectos PS-2008-681 y PS-2008-942.

### Bibliografía.

- Scholz V, Nogueira da Silva J. (2008). *Biomass Bioenergy*. 32(2):95-100.
- Conceição M, Candeia R, Silva F, Bezerra A, Fernandes V, Souza A. (2007). *Ren. Sustain. En. Rev.* 11(5):964-975.
- Sudheer PDVN, Mastan SG, Rhman H, Reddy MP. (2010). *Mol. Biol. Rep.* 37(5):2249-2257.
- Ganesh Ram S, Parthiban KT., Senthil Kumar R, Thiruvengadam V, Paramathma M. (2008). *Genet. Resour. Crop. Evol.* 55(6):803-809.
- Doyle JJ, Doyle, JL. (1990). *Focus*. 12(1):13-15.