



Aplicación de herramientas moleculares en mejora genética forestal tropical

Application of molecular tools in tropical forest genetic improvement

Domínguez-Liévano, Alexis^{1*}

¹PROAGRO CHIAPAS S.P.R de R.L. de C.V., Chiapas, México

Recibido: 26 Abr. 2022 | **Aceptado:** 29 Jun. 2022 | **Publicado:** 20 Jul. 2022

Autor de correspondencia*: adlievano@gmail.com

Cómo citar este artículo: Domínguez-Liévano, A. (2022). Aplicación de herramientas moleculares en mejora genética forestal tropical. *Revista Agrotecnológica Amazónica*, 2(2), e361. <https://doi.org/10.51252/raa.v2i2.361>

RESUMEN

A nivel mundial se ha observado una transformación en la actividad forestal desde hace varios años, concentrándose en dos fenómenos. La primera, en las necesidades de obtener madera para el abastecimiento del área industrial mediante el establecimiento de plantaciones forestales. Y la segunda, entorno a la protección ambiental de los recursos naturales. Esta revisión se centra en los conocimientos precursores de la biotecnología forestal en la aplicación de nuevas herramientas tecnológicas. La metodología de búsqueda de información se efectuó por relevancia del tema, con investigaciones precedentes y actuales, conjugando sólidos argumentos al entendimiento básico de las tecnologías emergentes en la mejora genética forestal tropical. Del análisis de revisión, se concluye que las limitantes son los escasos recursos económicos destinados a las investigaciones de mejora forestal en busca de utilizar las nuevas herramientas moleculares disponibles, como una estrategia de manejo sostenible y sustentable de los recursos forestales tropicales.

Palabras clave: ingeniería genética; mejoramiento genético; marcadores moleculares; variabilidad genética

ABSTRACT

A transformation in forestry activity has been observed worldwide for several years, focusing on two phenomena. The first is the need to obtain wood to supply the industrial area through the establishment of forestry plantations. And the second, around the environmental protection of natural resources. This review focuses on the forerunner knowledge of forest biotechnology in the application of new technological tools. The information search methodology was based on the relevance of the topic, with precedent and current research, combining solid arguments to the basic understanding of emerging technologies in tropical forest genetic improvement. From the review analysis, it was concluded that the limitations are the scarce economic resources allocated to forest improvement research in search of using the new molecular tools available, as a strategy for sustainable and sustainable management of tropical forest resources.

Keywords: genetic improvement; genetic variability; molecular markers; genetic engineering



1. INTRODUCCIÓN

La región tropical es considerada como una de las formaciones más importantes a nivel mundial, esto por la diversidad de especies que albergan. Cuenta con el 42% de la vegetación intertropical del planeta y 49% de la vegetación mesoamericana y del Caribe (Bullock h. & Mononey, 1995). Parte fundamental de estos ecosistemas, es que albergan una gran diversidad biológica (Alia et al., 2003).

No obstante, en los últimos 20 años se ha perdido cerca del 19% de estos bosques (Rodríguez et al., 2010), trayendo consigo la pérdida de diversidad genética (Keyghobadi, 2007), la capacidad de carga del área ocupada por la especie y el tamaño de la población efectiva (Andrén, 1994). Esto se traduce en una reducción de diversidad de alelos, aislamiento y pérdida de variabilidad genética por efecto de la deriva génica y endogamia (Kramer et al., 2008).

Por tal motivo, se mantiene una presión directa sobre las especies tropicales consideradas como maderas preciosas, siendo afectadas por la sobreexplotación, el tráfico no legal, la deforestación y la fragmentación de los hábitats. Además, la escasez natural de las mismas especies, su lento crecimiento y bajo reclutamiento, las colocan bajo un escenario de peligro de extinción (García Marín, 2017). Por esta razón, los árboles tropicales al crecer en hábitats fragmentados, son más vulnerables a los cambios ambientales a causa de la baja densidad poblacional, autoincompatibilidad genética y elevadas tasas de entrecruzamiento (Bullock & Mononey, 1995). Sin embargo, algunas especies arbóreas son bastante resilientes a los cambios ambientales que se están presentando (Hamrick, 2004).

Es por esto que la aplicación de nuevas tecnologías, herramientas y técnicas moleculares en la mejora de especies tropicales forestales, es fundamental para el uso y aprovechamiento de la diversidad genética dentro de una especie, así como el patrón de distribución entre y dentro de las poblaciones para la conservación y manejo de los recursos genéticos locales (FAO et al., 2007).

2. MATERIALES Y MÉTODOS

El presente artículo de revisión se realizó mediante una búsqueda exhaustiva de literatura sobre genética molecular, herramientas moleculares en el mejoramiento genético de árboles tropicales y la aplicación de la ingeniería genética en el área forestal. Se ha considerado una búsqueda de información de dependencias públicas y privadas; además, para la búsqueda de artículos se utilizó el buscador Google, en la cual se filtraron palabras clave como: genética molecular, ingeniería genética, mejoramiento molecular en árboles tropicales, ecosistemas forestales tropicales, entre los años 1990 y 2021, en este proceso se encontraron alrededor de 52 artículos, de los cuales al revisar sus resúmenes se consideró conveniente excluir 19 artículos, estableciéndose un total de 33 artículos científicos de las bases de datos de Dialnet, Springer Link, Scopus y Scielo.

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los principales ecosistemas que funcionan como reservorio de la diversidad biológica son los forestales, proporcionando servicios y bienes que son esenciales para la sobrevivencia y bienestar de la humanidad; brindan alimentos y recursos maderables como no maderables, captan el agua que se infiltra al suelo proveniente de la lluvia, ayudan a que los suelos sean fértiles; capturan bióxido de carbono y permiten apreciar una belleza escénica (CONAFOR, 2012).

En los últimos años, la cobertura forestal en México se ha reducido notoriamente; la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO, 2010), menciona que la deforestación de bosques y selvas pasó de aproximadamente 354 mil ha por año durante 1990-2000 a 155 mil ha por año en promedio en 2005-2010 (FAO, 2010). Aparte de la deforestación, se estima que se degradan entre 250 y 300 mil hectáreas de bosques cada año (CONAFOR, 2012).

Muchas de las actividades relacionadas con el desarrollo de la sociedad han provocado a lo largo de la historia la desaparición parcial o total de comunidades naturales de alto valor genético característico de una población o de una especie (Peña, 2008). Asimismo, se reconoce que, para desarrollar programas exitosos de reforestación, establecimiento de plantaciones comerciales y estrategias metodológicas de conservación, es primordial que su realización esté soportada por resultados provenientes de pruebas genéticas (Alia et al., 2003), las cuales garanticen el valor de las fuentes parentales para el sitio donde se desarrollen los programas mencionados (Shelton & Cain, 2002).

En las regiones tropicales y subtropicales se encuentra una gran urgencia por encontrar alternativas nuevas que permitan multiplicar y mantener el acervo genético de especies amenazadas (Valverde Cerdas et al., 1998). La información que se tiene sobre los patrones de variación genética y la aplicación de las tecnologías emergentes enfocado a lo molecular, son útiles en las actividades de reforestación y conservación genética (Kramer et al., 2008).

3.1. Prioridades en el sector forestal

Las nuevas tecnologías y avances científicos desarrollados en cultivos vegetales hoy en día, son útiles en la ordenación sostenible de los ecosistemas forestales, en busca de satisfacer las necesidades que demanda la sociedad local. Parte de la importancia de mejorar y utilizar las nuevas tecnologías emergentes a lo forestal, se centra en aprovechar los beneficios ecológicos y ambientales que proveen las especies tropicales (FAO, 2002)

En México existen numerosas prioridades encaminadas en atender al sector social que demanda productos forestales, en especial la madera. Una de las limitantes en el desarrollo de nuevas tecnologías, es la falta de inversión económica en la investigación molecular forestal. Todas las investigaciones y nuevas tecnologías se aplican y llevan a cabo en los países desarrollados, demostrando una clara diferencia con los países en desarrollo. Pero parte de esta diferencia, es producto del nivel de desarrollo social y conocimiento científico que se aplique en la investigación forestal en cada país.

Los resultados de apostar al mejoramiento genético forestal por medio de los ensayos de procedencia, han permitido hasta hoy en día, alentadores resultados. No obstante, las inversiones económicas que se han realizado en la perfección de las tecnologías de producción y elaboración de la madera han sido notorios, pero se ha descuidado la investigación dirigida a los servicios ecosistémicos y otras dimensiones asociadas a estos como la pobreza (United Nations Department of Economic and Social Affairs, 2014). Las prioridades en el sector forestal están siendo enfocadas a un punto en concreto, el conservar y aprovechar, en su caso, especies tropicales con potencial de aprovechamiento en plantaciones forestales. La especie potencial debe cubrir dos puntos valiosos; buenas características de madera y que, dentro de sus poblaciones naturales, se encuentre una alta variabilidad genética (Comité nacional de mejora y conservación de recursos genéticos forestales., 2016).

3.2. La diversidad genética y el desarrollo de poblaciones mejoradas

Dentro de las poblaciones, la diversidad genética es pieza clave para la evolución y la adaptación de los individuos en los ambientes cambiantes actuales. El que haya variabilidad genética en las poblaciones, permite a los individuos tener la capacidad de responder a las presiones que se puedan ejercer por la selección a largo plazo, es por ello que, la diversidad genética es importante. Caso contrario, a corto plazo se pueden presentar erosiones genéticas, perjudicando la viabilidad y el potencial evolutivo entre los mismos, disminuyendo así, la calidad y cantidad de recursos genéticos disponibles en la población (Wehenkel et al., 2018).

Los beneficios de realizar estudios de diversidad genética entre las poblaciones de una especie, se encuentran en el poder conocer la magnitud e identificar las acciones y trabajos que se pueden emplear

para la conservación y aprovechamiento de la especie de interés (López-Báez et al., 2018), proponiendo con esto, estrategias y mecanismos para la implementación de programas de manejo sustentable a largo plazo (Frankham et al., 2002) y con estimaciones detalladas de las especies para poder elegir las estrategias de muestreo en cada población (Chalmers et al., 1992)

Los primeros trabajos que se realizaron en mejoramiento genético tienen sus inicios en la década de 1950, en ese año, se comenzaron con los programas de mejora con distintas especies. Las poblaciones naturales, son importantes en todo programa genético forestal para poder seleccionar las características de los mejores individuos presentes. En muchos casos, genéticamente entre poblaciones hay un distanciamiento de apenas una o dos generaciones. Esta cercanía generacional representa una gran ventaja, puesto que, significa que las posibilidades de selección y mejoramiento siguen siendo amplias (Sánchez Buitrago, 2013).

Actualmente en el mejoramiento forestal, aún se mantiene el uso del método tradicional mediante la evaluación fenotípica y las relaciones de parentesco como principales herramientas de selección de individuos con características de interés concretas. Se generan evaluaciones de familias de medios hermanos o hermanos completos para posteriormente ser establecidos en campo y evaluar el comportamiento de la progenie. A pesar de esto, en la mejora de poblaciones forestales también se está aplicando la silvicultura clonal; se seleccionan individuos deseados para transferir la varianza genética total (aditiva y no aditiva) hacia mejores individuos para su posterior plantación (White et al., 2007).

De modo que, en un primer nivel de mejora genética forestal, se realiza la búsqueda de los mejores individuos de una especie en su área de distribución para establecerse en campo y ver su comportamiento en diferentes ambientes para seleccionar individuos genéticamente superiores (Martínez-Ruiz et al., 2003) Finalmente, una estrecha base genética tiene repercusiones drásticas en la disminución del rendimiento de la producción maderera (Butcher et al., 1999).

3.3. La aplicación de la biotecnología en el área forestal

La biotecnología en general, trata del manejo de los sistemas biológicos en busca de beneficios para la sociedad, aplicando métodos de fitomejoramiento y de cultivo in vitro. Dentro de la biotecnología, se pueden utilizar una serie de técnicas para controlar las limitantes propias del uso de estas herramientas en las especies forestales. Las técnicas hoy en día van desde el cultivo de células y micropropagación, selección genotípica in vitro hasta conservación in vitro y un gran número de nuevas tecnologías en el campo de la genética molecular (Sánchez Buitrago, 2013)

La manipulación genética de los materiales vegetales que se van a propagar en un programa de mejoramiento, se considera como el método biológico, estos actualmente son utilizados posterior a su selección para resolver problemas que se necesitan atender en el área forestal. Es entonces, que se emplean métodos relacionados con el cultivo de tejidos y los que se orientan a la ingeniería genética molecular (Gutiérrez Galeano et al., 2015).

Dicho lo anterior, la biotecnología consiste en un gradiente de tecnologías y herramientas, desde técnicas tradicionalmente establecidas, ampliamente conocidas y utilizadas (fermentación de alimentos, control biológico), hasta las más modernas basadas en la Ingeniería genética, así como los nuevos métodos de cultivo in vitro de células y tejidos. En suma, la biotecnología hace uso de los organismos vivos o compuestos que se obtienen a partir de ellos, para satisfacer necesidades de la sociedad. Desde los comienzos de la historia, se tiene conocimiento que el hombre ha utilizado la biotecnología en actividades tan cotidianas como el elaborar pan, hacer compostaje o las bebidas alcohólicas. Es por esta razón que la biotecnología hace uso de organismos para realizar una encomienda (Sánchez Buitrago, 2013)

Otra aplicación que tiene la biotecnología en lo forestal, es el uso de marcadores moleculares para la certificación genética forestal. Esto quiere decir, que las bases metodológicas que se desarrollen como las herramientas moleculares a utilizar, quedarán definidos por los investigadores que lo realicen y, los resultados obtenidos, podrán llevar a la instalación de laboratorios propios de la certificación del material genético (Becerra V. & Paredes C., 2009)

En el sector forestal se distinguen tres categorías en el uso de biotecnologías modernas: 1) tecnologías de multiplicación vegetativa, 2) biotecnologías basadas en marcadores moleculares y, 3) modificación genética de especies forestales (árboles transgénicos) enfocadas en dos líneas. Por una parte, las empresas forestales focalizan sus esfuerzos en el estudio de la micropropagación de pino, eucaliptus, especies nativas y en el control biológico de plagas. Y, por otro lado, la industria de la celulosa se interesa particularmente en el biopulpaje (Gil H. et al., 2003).

3.4. Los marcadores moleculares y su uso en mejoramiento genético forestal

Uno de los pilares de la genética de la conservación, es la evaluación de las poblaciones de especies que se encuentran en peligro de extinción, el poder interpretar y predecir los riesgos en la naturaleza genética y las acciones que se pueden emprender para minimizar la pérdida de tal diversidad. Parte de estos trabajos son realizados con marcadores moleculares, los cuales han ayudado en la estimación de la diversidad y el estado genético de las poblaciones de especies amenazadas por la presión antrópica o en su caso, ecológica (Spielman et al., 2004).

A partir de los avances que se han ido teniendo en la biotecnología forestal, ha crecido el interés de desarrollar programas de mejoramiento con la aplicación de la selección asistida por marcadores moleculares. El empleo de estas herramientas, está fundamentada en que se pueden incorporar modelos lineales en regiones genómicas cuantitativas (*QTL Quantitative Trait Loci*) como variables predictoras. Tales regiones genómicas cuantitativas se caracterizan por ser segmentos del genoma con uno o más genes que están asociados a una característica cuantitativa. La mayor parte de estas, son segregadas en familias de polinización cruzada (MacKay et al., 2009). Las áreas de aplicación se centran en marcadores moleculares de ADN, genómica de árboles, transformación genética, crio conservación y la regeneración de plantas (expresión de la totipotencia celular). En lo que respecta a los marcadores de ADN, son útiles al permitir caracterizar la naturaleza, amplitud y distribución de la diversidad natural de especies presentes en las poblaciones, facilitando con esto la toma de decisiones en el que y como conservar (Toribio et al., 2004)

Los mejoradores que utilizan marcadores moleculares, identifican y conocen las técnicas bioquímicas a usar para conocer la variación de las moléculas celulares como el ADN y las proteínas. Esto es contrario a seleccionar o mejorar mediante características fenotípicas, puesto que, ahí se evalúa el vigor, la calidad del tronco y diversos aspectos morfológicos. Es entonces que, los marcadores moleculares ofrecen la ventaja de no cambiar por efecto del medio ambiente, ni por la fase de desarrollo de la planta y, además, son muy numerosos. Estos atributos han hecho posible la aplicación de los marcadores moleculares al mejoramiento genético de los árboles (Rivera et al., 1998).

En los últimos años se han ido aplicando al ámbito forestal diferentes marcadores que revelan polimorfismos en la secuencia de bases del ADN, permitiendo con esto, abordar la variación a nivel del genoma. El realizar este tipo de investigaciones es de gran utilidad en estudios evolutivos y de genética poblacional, manejo de bancos de germoplasma, identificación, mapeo, selección asistida y clonación genética. Además, se tiene que tener en cuenta que para tener éxito en la obtención de datos es importante utilizar marcadores altamente polimórficos o variables dentro y entre especies, de herencia mendeliana, preferiblemente, codominantes, de fácil identificación y análisis simple (Martinez et al., 2004)

Algunos ejemplos del tipo de investigaciones y que marcadores moleculares utilizados en los estudios genéticos forestales, se mencionan por Toribio et al. (2004); caracterización de especies, variedades, cultivares y clones (marcadores RAPDs y AFLPs); determinación de la magnitud y localización de la variabilidad (marcadores RFLPs, RAPDs y SSRs); estudios filogenéticos (marcadores RFLP); gestión sostenible (Marcadores tipo isoenzimas, RAPDs y microsatélites (SSRs)); conservación de especies o poblaciones amenazadas (marcadores RAPDs) y; evaluación de la dispersión de polen y semillas (marcadores AFLP).

3.5. Trabajos realizados con marcadores moleculares en especies forestales tropicales

Las especies forestales tropicales en la región tropical tienen un gran potencial de aprovechamiento, no solo esta parte toma relevancia en estas especies, ya que el valor ecológico y biológico toma una importancia precisa por los beneficios directos e indirectos que brindan. Su conservación tanto ecológica como genética debe ser prioridad hoy en día, prioridad por la presión que se tiene en su hábitat natural (la tala no legal, el pastoreo, el cambio de uso de suelo y los incendios forestales provocados).

No hay que olvidar que el desarrollo de la biotecnología en la agricultura, ha permitido que se realicen estudios en el mejoramiento vegetal y con esto, que los investigadores forestales estén adoptando y ajustando las técnicas para poder aplicarlas al estudio de las especies de interés y de importancia económica-social (Guerra-Guerrero & Zamudio-Arancibia, 2002). Con esta aplicación de técnicas, se pueden identificar genes de interés de importancia económica, de adaptabilidad local, crecimiento favorable del tronco del árbol, calidad de madera, entre otras (Mesen, 1994). Los beneficios de la biología molecular aplicado a lo forestal, se encuentran en seleccionar alelos favorables sin esperar a que el árbol sea adulto para poder distinguir tales características, de igual forma, manipular la pérdida de los no deseados (Mesen, 1994).

Pese a lo anterior, hay ciertas limitaciones al utilizar las técnicas moleculares en especies leñosas; desde el orden técnico hasta la disponibilidad de recursos económicos para desarrollar la investigación. Los marcadores moleculares que se utilicen en estos tipos de proyectos, van a determinar la efectividad de cada uno de ellos para mejorar el análisis o cobertura del genoma en cuestión, así como los procesos sistematizados para la extracción de ADN o la amplificación a gran escala (Sghaier et al., 2005)

En 2011, López et al. (2018) estandarizaron una técnica para la extracción de ADN genómico para dos especies tropicales empleando microsatélites para su amplificación: *Tabebuia rosea* (Bertol.) Bertero ex A.DC. y *Cordia alliodora* (Ruiz & Pav.) Oken a partir de tejido seco, adulto y plántulas con miras para ser utilizadas a largo plazo en programas de mejoramiento genético. Encontraron que en el proceso de extracción de ADN y el tipo de muestra, afectaron significativamente el rendimiento y la calidad, así como la amplificación por microsatélites para ambas especies. Recomiendan no utilizar los Kits comerciales en especies forestales, al no producir rendimientos eficientes de ADN amplificable. Para la especie *C. alliodora* recomiendan el protocolo propuesto por Dellaporta et al. (1983), empleando cualquiera de los tres tipos de tejido foliar, mientras que para *T. rosea*, no hubo diferencias significativas en los protocolos utilizados con mejores resultados a partir de tejido fresco y de plántula.

Por su parte, Marulanda et al. (2006) utilizaron marcadores AFLP para analizar la diversidad genética de tres poblaciones naturales de *Alnus acuminata* Kunth spp. *acuminata* y con esto estandarizar la técnica a la especie. Con los resultados que obtuvieron, diferenciaron tres grupos genéticos a partir de un 60 % de similitud. Siendo la progenie de la población de Caldas la más homogénea genéticamente que la progenie de Nariño la cual presenta mayor grado de variación al interior de la progenie.

De igual modo, Zelener et al. (2011), cuantificaron la diversidad genética de dos especies de Cedrela (*lilloi* C.DC. y *balansae* C.DC.) con marcadores moleculares AFLPs (*C. lilloi*) y SSRs (*C. balansae*) en un contexto de presión y disturbio de las zonas de dispersión de ambas especies. Los datos que obtuvieron, muestran una

alta diversidad genética entre las poblaciones evaluadas de *C. lilloi* y su patrón de distribución de tal diversidad está asociado principalmente a la variación altitudinal, mientras que en *C. balancea* encontraron una diversidad genética baja asociado a la reducida área de dispersión natural y el estado de disturbio en la que se encuentra creciendo.

Así mismo, Barrios et al. (2004), analizaron la diversidad genética mediante marcadores moleculares microsatélites en dos especies de eucalipto (*Eucalyptus grandis* W. Hill y *Eucalyptus euryphylla* (LAS)Johnson ex GJLeach) Brooke). Con los análisis que obtuvieron, encontraron valores de diversidad genética más altos para *E. grandis* ($0,86 \pm 0,08$) que para *E. urophylla* ($0,77 \pm 0,17$). Del mismo modo el promedio de alelos observados fue mayor en *E. grandis* ($13,10 \pm 2,80$) que en *E. urophylla* ($He = 10,80 \pm 2,40$).

Finalmente, la inclusión de marcadores moleculares para el estudio de la diversidad genética poblacional de especies forestales tropicales, permite conocer los niveles de variabilidad genética entre poblaciones naturales, admitiendo una flexibilidad y control de la reducción de la diversidad presente entre los individuos para evitar reducir las ganancias genéticas (Barrios et al., 2004).

3.6. Áreas de oportunidad en el sector forestal: ingeniería genética

La ingeniería genética es un campo de oportunidad para incursionar en el área forestal. Las técnicas que se utilizan para la identificación del ADN que contiene una característica de interés, para posteriormente copiar e insertar dentro del genoma de un árbol diferente que no contenía ese gen, tiene múltiples funciones. La idea de utilizar plantas transgénicas en muchos países aún no es bien vista, pero los productos forestales en comparación de los agrícolas, tienen ventaja al no ser alimento de consumo humano. Tal utilidad de árboles transgénicos, está determinada por los países que se dedican al cultivo de plantaciones forestales con especies exóticas y que no ponen en peligro el cruzamiento con las especies locales (Ipinza Carmona, 1998).

Dentro de las áreas promisorias para la ingeniería genética, se encuentra el trabajar en el genoma de los árboles forestales con la inserción de pesticidas o genes que son resistentes a herbicidas, esto está tomando terreno en el ámbito forestal, por ejemplo, en los árboles de eucalipto, se están insertando genes resistentes al "Roundup". De igual forma, el plásmido Ti de *Agrobacterium tumefaciens* ha sido utilizado intensamente para transferir genes a las plantas. Por su parte, investigadores de Sudáfrica han estado utilizando *A. tumefaciens* como sistema de transferencia para desarrollar resistencia a insectos en *Eucalyptus* mediante la inserción de genes de quitinasa.

Además, se están iniciando los trabajos para controlar la polilla que afecta el brote de los pinos. Investigaciones para evaluar la transmisión de genes que promuevan el enraizamiento de clones de *Eucalyptus* mediante *Agrobacterium rhizogenes*. El enraizamiento de varias especies y clones de *Eucalyptus* ha aumentado en un 80% con ciertas cepas de *A. rhizogenes*. Esto es un buen ejemplo de cómo la biotecnología puede ser usada para mejorar los árboles. Por último, el éxito que tiene la aplicación de la ingeniería genética se demostró el trabajo realizado por Ipinza Carmona (1998), al modificar el contenido de lignina para disminuir los costos de extracción de este componente de la madera en el proceso de extracción de pulpa.

El desarrollar híbridos para mejorar la productividad de las plantaciones forestales, es una parte importante que se está aplicando hoy en día. La tendencia mundial con respecto a las plantaciones forestales, está siendo desplazada a territorios secos y algunas veces más frías. Ante este suceso, se ve la necesidad de crear híbridos para crecer en esos nichos. Los trabajos que se han realizado en la parte de hibridación en especies forestales se encuentran: la cruzada realizada con *Eucalyptus camaldulensis* Dehnh. y *E. dunii* Maiden., esta última tiene resistencia al frío y *E. urophylla*, un eucalipto tropical con mayor resistencia que *E. grandis* a enfermedades. El resultado es una progenie híbrida que crece bien y mejor adaptada a los climas secos o fríos, además de ser más resistente a las enfermedades que sus padres. El

híbrido entre *Eucalyptus globulus* Labill. y *Eucalyptus globulus* Labill. tiene características intermedias, la pulpa es de mejor calidad que la de *E. nitens* y más resistente al frío que *E. globulus*. Una vez producidos y probados, estos híbridos, pueden ser propagados vegetativamente y multiplicados en extensas áreas. El desarrollo de híbridos con rasgos de adaptabilidad puede hacer a las plantaciones comerciales económicamente atractivas en suelos que alguna vez no fueron aptos para la silvicultura.

De igual forma, los híbridos de pino en el trópico y subtropico serán importantes en la próxima década. Ya se ha logrado un exitoso híbrido en Australia entre *Pinus elliottii* Engelm. y *Pinus caribaea* var. *hondurensis* (Sénécl.) WHBarrett & Golfari, creciendo más rápido y mejor en suelos pantanosos que sus padres. Esta cruce puede tener gran utilidad en las áreas subtropicales de Argentina, Brasil, China y Sudáfrica. Otra cruce que puede ser interesante es *Pinus radiata* D. Don y *Pinus greggii* Engelm. ex Parl., tal como ha sido indicado por autores australianos. Las barreras para los cruzamientos son menores en los pinos mexicanos en comparación con los pinos de climas templados, y por lo tanto aumenta la probabilidad de producir híbridos (Ucar & Inta, 2011).

La ingeniería genética es ciertamente una poderosa herramienta que algún día podrá ser usada para realizar importantes cambios tanto en pinos como en especies tropicales, aunque existan importantes barreras para su actual implementación. El potencial para los cambios es grande, pero puede pasar un largo tiempo antes de que esta tecnología haga la diferencia en el área forestal (Ipinza Carmona, 1998).

4. CONCLUSIONES

Finalmente, los desafíos que se presentan ante los nuevos desarrollos tecnológicos genéticos y de ingeniería genética enfocados al mejoramiento forestal, son grandes, y es uno de los retos que se encuentra en México y algunas regiones en Latinoamérica en las últimas décadas. Está claro que las expectativas de la aplicación de las tecnologías emergentes y las que están en progreso de validación en países desarrollados, son alentadoras para su aplicación en la rama forestal para ser aprovechados en el mejoramiento de especies tropicales con importancia económica y ecológica dentro de la sociedad.

El conocimiento para satisfacer las demandas de la sociedad de productos maderables y no maderables en un futuro no lejano, se atenderá con la aplicación de técnicas y métodos biotecnológicos presentes y, en próximas décadas, con la ingeniería genética, siempre y cuando, el factor económico no siga siendo limitante.

FINANCIAMIENTO

Ninguno

CONFLICTO DE INTERESES

No existe ningún tipo de conflicto de interés relacionado con la materia del trabajo.

CONTRIBUCIÓN DE LOS AUTORES

Conceptualización: Domínguez-Liévano, A.

Curación de datos: Domínguez-Liévano, A.

Análisis formal: Domínguez-Liévano, A.

Investigación: Domínguez-Liévano, A.

Metodología: Domínguez-Liévano, A.

Supervisión: Domínguez-Liévano, A.

Validación: Domínguez-Liévano, A.

Redacción - borrador original: Domínguez-Liévano, A.

Redacción - revisión y edición: Domínguez-Liévano, A.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alia, R.; Agúndez, D.; Alba, N.; González Martínez, S. C.; & Soto, A.; (2003). Asociación Española de Ecología Terrestre. *Ecosistemas*, 7(3), 1–7. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=54012307>
- Andrén, H. (1994). Effects of habitat fragmentation on birds and mammals in landscapes with different proportions of suitable habitat: a review. *OIKOS*, 71, 355–366. <https://doi.org/10.2307/3545823>
- Barrios, D.; Garcia, V.; Osorio, L. F.; Isaza, Nhora; Palacio, J. D.; Garcia, F.; & Sánchez, A. (2004). Análisis de la diversidad genética de la colección elite de Eucaliptos, por medio de marcadores microsatélites. *Fitotecnía Colombiana*, 4(1), 96–106. https://www.researchgate.net/publication/235700076_Analisis_de_la_diversidad_genetica_de_la_coleccion_elite_de_Eucaliptos_por_medio_de_marcadores_microsatelites
- Becerra V., V., & Paredes C., M. (2009). Uso de marcadores moleculares en la certificación genética forestal. *INIA*, 85. <https://hdl.handle.net/20.500.14001/5085>
- Bullock h., S., & Mononey, H. A. (1995). Seasonally Dry Tropical Forests. In *Seasonally Dry Tropical Forests*. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511753398>
- Butcher, P. A. ., Glaubitz, J. C. ., & Moran, G. F. (1999). Aplicaciones de los marcadores microsatélites en la domesticación y conservación de árboles forestales . In *Recursos Genéticos Forestales N° 27*. <https://www.fao.org/3/x4133s/x4133s07.htm>
- Chalmers, K. J., Waugh, R., Sprent, J. I., Simons, A. J., & Powell, W. (1992). Detection of genetic variation between and within populations of *Gliricidia sepium* and *G. maculata* using RAPD markers. *Heredity*, 69, 465–472. <https://doi.org/10.1038/hdy.1992.151>
- Comité nacional de mejora y conservación de recursos genéticos forestales. (2016). *Documento técnico para la elaboración de la estrategia española para la conservación y el uso sostenible de los recursos genéticos forestales*. https://www.miteco.gob.es/es/biodiversidad/temas/recursos-geneticos/documento_tecnico_estrategia_tcm30-156101.pdf
- CONAFOR. (2012). Precios de productos forestales maderables. In *Reporte trimestral* (p. 5). [http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/39/4744Reporte de Precios de Productos Forestales.pdf](http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/39/4744Reporte%20de%20Precios%20de%20Productos%20Forestales.pdf)
- Dellaporta, S. L., Wood, J., & Hicks, J. B. (1983). A plant DNA miniprep: Version II. *Plant Molecular Biology Reporter*, 1, 19–21. <https://doi.org/10.1007/BF02712670>
- FAO, FLD, & Biodiversity International. (2007). *Conservación y manejo de los recursos genéticos forestales* (Vol. 3). https://www.biodiversityinternational.org/fileadmin/_migrated/uploads/tx_news/Conservación_y_manejo_de_los_recursos_geneticos_forestales_1298.pdf
- FAO. (2002). Agricultura mundial: hacia los años 2015/2030. In *Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura: Vol. Informe re* (Issue Departamento económico y social). <https://www.fao.org/documents/card/es/c/86e794af-3bcb-5e9f-a7ab-60157310ebfe/>
- FAO. (2010). *Evaluación de los recursos forestales mundiales 2010*. <https://www.fao.org/publications/card/es/c/a4606b30-24e7-506d-9a10-5815d9f2b18c/>

- Frankham, R.; Ballou, J. D.; Briscoe, D. A. & McInnes, K. H. (2002). *Introduction to Conservation Genetics*. Cambridge University Press. <https://doi.org/10.1017/CBO9780511808999>
- García Marín, M. E. (2017). La deforestación: una práctica que agota nuestra biodiversidad. *Producción + Limpia*, 11(2). <http://revistas.unilasallista.edu.co/index.php/pl/article/view/1247>
- Gil H., L.; Dornberger, U. & Martínez Z., V. (2003). *Caracterización de la Industria Biotecnológica en Chile* (Segunda Ed). Ministerio de Economía. <https://bibliotecadigital.infor.cl/handle/20.500.12220/17778?show=full>
- Guerra-Guerrero, F. P. & Zamudio-Arancibia, F. J. (2002). *Reproducción selectiva en especies forestales de rápido crecimiento con énfasis en el género pópulos*. [Universidad de Talca]. <http://hdl.handle.net/10533/111751>
- Gutiérrez Galeano, D. F.; Ruiz Medrano, R. & Xoconostle, C. B. (2015). *Estado actual de los cultivos genéticamente modificados en México y su contexto internacional*. (Primera edición). Centro de Investigación y de Estudios Avanzados del Instituto Politécnico Nacional. <https://conacyt.mx/cibiogem/images/cibiogem/comunicacion/publicaciones/Estado-actual-de-los-cultivos.pdf>
- Hamrick, J. L. (2004). Response of forest trees to global environmental changes. *Forest Ecology and Management*, 197(1-3), 323-335. <https://doi.org/10.1016/J.FORECO.2004.05.023>
- Ipinza Carmona, R. (1998). Importancia del Mejoramiento genético a nivel mundial. In R. Ipinza, B. Gutierrez, & V. Emhart (Eds.), *Curso: Mejora Genética Forestal Operativa* (Primera Edición, pp. 1-25). Universidad Austral. https://www.researchgate.net/publication/255949078_Importancia_del_Mejoramiento_genetico_a_nivel_mundial
- Keyghobadi, N. (2007). The genetic implications of habitat fragmentation for animals. *Canadian Journal of Zoology*, 85(10), 1049-1064. <https://doi.org/10.1139/Z07-095>
- Kramer, A. T.; Jennifer L. Ison; Ashley, M. V. & Howe, H. F. (2008). The Paradox of Forest Fragmentation Genetics. *Conservation Biology*, 22(4), 878-885. <https://www.jstor.org/stable/20183470>
- López-Báez, L. I.; Taboada-Gaytán, O. R.; Gil-Muñoz, A.; López, P. A.; Ortiz-Torres, E.; Vargas-Vázquez, M. L. & Díaz-Cervantes, R. (2018). Diversidad morfoagronómica del frijol ayocote en el altiplano centro oriente de Puebla. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 41(4-A), e487. <https://doi.org/10.35196/rfm.2018.4-A.487-497>
- MacKay, T. F.; Stone, E. A. & Ayroles, J. F. (2009). The genetics of quantitative traits: challenges and prospects. *Nature Reviews Genetics*, 10, 565-577. <https://doi.org/10.1038/nrg2612>
- Martínez-ruiz, R.; Azpiroz-Rivero, H. S.; Rodríguez-de la O, J. L.; Cetina-Alcalá, V. M. & Gutiérrez-Espinosa, M. A. (2003). Aplicación de la biotecnología en los recursos genéticos forestales. *Revista Chapingo Serie Ciencias Forestales y Del Ambiente*, 9(1), 17-34. <https://doi.org/10.2/JQUERY.MIN.JS>
- Martínez, M. C.; Helguera, M. & Carrera Alicia. (2004). Marcadores Moleculares. In Levitus, G.; Echenique, V.; Rubinstein, C.; Hopp, E. & Mroginski, L. (Eds.), *Biotecnología y Mejoramiento Vegetal II*. ArgenBio. www.argenbio.org
- Marulanda, M. L., Claroz, J. L., & Lopez, A. M. (2006). Caracterización molecular de progenies de aliso *alnus acuminata* h.b.k spp *acuminata*, mediante marcadores aflp. *Scientia et Technica*, 3(32). <https://doi.org/10.22517/23447214.6353>

- Mesen, F. (1994). Ensayos de procedencias en especies forestales: establecimiento, manejo, evaluación y análisis. In Catie (Ed.), *Selección y manejo de fuentes semilleras en América Central y República Dominicana*. <https://repositorio.catie.ac.cr/handle/11554/10718>
- Peña, L. (2008). Biotecnología vegetal: transformación genética de plantas. In J. Azcon-Bieto & M. Talon (Eds.), *Fundamentos de Fisiología Vegetal* (2.^a Edición, p. 669). McGraw-Hill - Interamericana de España, S. L.
<https://exa.unne.edu.ar/biologia/fisiologia.vegetal/FundamentosdeFisiologiaVegetal2008Azcon.pdf>
- Rivera, B. R.; Garzon, T. J. & Herrera, E. L. (1998). *División de Agronomía*. 1–5.
<https://transdisciplinario.cinvestav.mx/Portals/transdisciplinario/SiteDoc/PDF/Gen20102015/Pampillon.pdf>
- Rodríguez, J. P; Rojas-Suarez, F & Giraldo Hernández, D. (2010). *Libro Rojo de los Ecosistemas Terrestres de Venezuela* (Primera Edición). La Galaxia (Venezuela).
https://ecosistemasamenazados.org/files/libro_rojo_ecosistemas_terrestres_Venezuela.pdf
- Sánchez Buitrago, J. A. (2013). *Estudio de la diversidad genética en Eucalyptus globulus (Labill.) empleando marcadores moleculares tipo microsatélite (SSR)* [Universidad Nacional de Colombia].
<https://repositorio.unal.edu.co/handle/unal/50384>
- Sghaier, Z.; Ferchichi, A. & Mohamed, C. (2005). Genomic DNA extraction method from pearl millet (*Pennisetum glaucum*) leaves. *African Journal of Biotechnology*, 4(8), 862–866.
<https://doi.org/10.4314/ajb.v4i8.15198>
- Shelton, M. G. & Cain, M. D. (2002). Do cones in tops of harvested shortleaf pines contribute to the stand's seed supply? In K. W. Outcalt (Ed.), *Proceedings of the Eleventh Biennial Southern Silvicultural Research Conference* (p. 636). USDA Forest Service, Southern Research Station.
<https://www.fs.usda.gov/treearch/pubs/3103>
- Spielman, D.; Brook, B. W. & Frankham, R. (2004). Most species are not driven to extinction before genetic factors impact them. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 101(42), 15261–15264.
https://doi.org/10.1073/PNAS.0403809101/SUPPL_FILE/03809TABLE3.PDF
- Toribio, M.; Fernández, C.; Celestino, C.; Martínez, M. T.; San-José, M. C. & Vieitez, A. M. (2004). Somatic Embryogenesis in Mature Quercus Robur Trees. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, 76, 283–287.
<https://doi.org/10.1023/B:TICU.0000009245.92828.26>
- Ucar & Inta. (2011). *Domesticación y mejoramiento de especies forestales*.
<https://1library.co/document/zw95ek1y-domesticación-y-mejoramiento-de-especies-forestales.html>
- United Nations Department of Economic and Social Affairs. (2014). *The Millennium Development Goals Report*. <https://wedocs.unep.org/20.500.11822/9694>
- Valverde Cerdas, L.; Dufour, M. & Villalobos, V. (1998). In vitro organogenesis in Albizia guachapele, Cedrella odorata and Swietenia macrophylla (Fabaceae, Meliaceae). *Revista de Biología Tropical*, 225–228. <https://doi.org/10.15517/rbt.v46i2.19431>
- Wehenkel, C.; Hernández Diaz, J. C.; Prieto Ruiz, J. A.; Ramírez, F.; Simental Rodríguez, S. L.; Hernández Velasco, J.; Ramos Ramírez, E. B.; Salazar Jiménez, F.; Bailón Soto, C. E. & Carrillo Parra, A. (2018).

¿Influye la biodiversidad genética en la viabilidad del germoplasma forestal? *Acta Fitogenética*, 5(1), 275–276. https://www.somefi.mx/wp-content/uploads/2018/10/ACTA-5-2018_Texcoco_Colpos.pdf

White, T. L.; Adams, W. T. & Neale, D. B. (2007). *Forest Genetics* (7th Edición). CABI Publishing.

Zelener, N.; Soldati, M. C.; Inza, M. V.; Aguirre, R. R.; Salek, D.; Araujo, A.; Zonneveld, M. V. & Fornes, L. (2011). Distribución geográfica de la diversidad genética molecular de dos especies de *Cedrela* (*C. lilloi* y *C. balansae*) sujetas a severos procesos de degradación en la Selva Tucumano-Boliviana. *Ciat.*