



DOI: <https://doi.org/10.29298/rmcf.v12iEspecial-1.1089>

Artículo de revisión

Tópicos y perspectivas de la investigación científica sobre el mejoramiento genético de especies perennes en INIFAP

Topics and perspectives of scientific research on genetic improvement of perennial species in INIFAP

Miguel Ángel Vallejo Reyna^{1*}, José Vidal Cob Uicab²

Abstract

The increase in demands for goods and services, the degradation of ecosystems and climate change, compels the scientific community to seek efficient alternatives in the use and management of timber and non-timber forest resources, as well as other perennial plants such as fruit trees. For this reason, investing in the progress of agroforestry systems and the development of agroecology is an indispensable activity. Unlike annual plants in which the main breeding techniques involve hybridization and backcrosses, in species with a long life cycle, other methods are necessary to increase and improve the useful qualities to society. In this way, the benefits that are obtained from these species can be maximized and the ecological and environmental impact minimized. In Mexico traditionally greater importance has been given to agriculture over afforestation and forestry, activities that today are very important to mitigate the effects of climate change and for the conservation of ecosystems. However, some institutions such as INIFAP have made efforts that contribute to the development of the Mexican countryside through the genetic improvement of evergreen plants. This text seeks to highlight some important points regarding the history, techniques and some experiences of INIFAP related to this matter so relevant for the well-being of rural societies and the protection of biodiversity.

Key words: *In vitro* tissue culture, forest species, molecular markers, genetic improvement, vegetative propagation, selection.

Resumen

El aumento de requerimientos de bienes y servicios, la degradación de los ecosistemas y el cambio climático conminan a la comunidad científica a buscar alternativas eficientes en el uso y manejo de los recursos forestales maderables y no maderables, así como de otras plantas perennes como los frutales. Por ello, invertir en el progreso de los sistemas agroforestales y el desarrollo de la agroecología es una actividad indispensable. A diferencia de las plantas anuales, en las que las principales técnicas de fitomejoramiento implican hibridación y retrocruzas, en las especies de ciclo de vida largo se deben emplear otros métodos cuya finalidad sea aumentar y mejorar las cualidades útiles para la sociedad. De esta forma se podrán maximizar los beneficios que se obtienen de estas especies y minimizar el impacto ecológico y ambiental. México es un país que por tradición ha dado mayor importancia a la agricultura sobre la forestación y la silvicultura, actividades que hoy día son muy importantes para mitigar los efectos de cambio climático y la conservación de los ecosistemas; sin embargo, instituciones como el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) han realizado esfuerzos que buscan contribuir al desarrollo del campo mexicano a través del mejoramiento genético de plantas perennes. El presente texto busca resaltar algunos puntos importantes en cuanto a la historia, las técnicas y algunas experiencias del INIFAP relacionadas a este tema, tan relevante para el bienestar de las sociedades rurales y la conservación de la biodiversidad.

Palabras clave: Cultivo de tejidos *in vitro*, especies forestales, marcadores moleculares, mejoramiento genético, propagación vegetativa, selección.

Fecha de recepción/Reception date: 3 de septiembre de 2020

Fecha de aceptación/Acceptance date: 16 de agosto de 2021

¹Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Conservación y Mejoramiento de Ecosistemas Forestales. México.

²Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. CIR-Sureste. Campo Experimental Chetumal. México.

*Autor por correspondencia; correo-e: vallejo.miguel@inifap.gob.mx

Introducción

La domesticación y diversificación artificial de plantas es una actividad continua llevada a cabo por la humanidad desde el periodo neolítico hasta nuestros días. Se trata de un proceso mutualista de coevolución en el cual los humanos han logrado establecer relaciones estrechas y beneficios con las especies vegetales (Abbo y Gopher, 2020). A partir de distintos centros de origen geográfico (Vavilov, 2009), las sociedades antiguas desarrollaron mecanismos de selección de la fitodiversidad de su entorno y satisficieron sus necesidades de alimento, vestido y vivienda (Harris, 1967). Este dominio del entorno y los vínculos con plantas y animales contribuyó, en parte, a una profunda transformación de la percepción humana sobre la naturaleza, el orden social y la economía (Abbo y Gopher, 2020).

La domesticación de plantas está estrechamente ligada al origen de la agricultura, en particular de algunos miembros de la familia Poaceae a la que pertenecen los cultivos agrícolas más importantes como el arroz, el maíz y el trigo. Poca atención se ha dado al origen del manejo realizado en las especies forestales maderables y no maderables. Sin embargo, los árboles y otras especies perennes no arbóreas (principalmente frutales) han sido sujetos a procesos de domesticación desde hace al menos 6 000 años, con un incremento considerable del número de especies cultivadas en los últimos 3 000 años, lo que coincide con las primeras técnicas de propagación vegetativa por medio de esquejes e injertos (Meyer *et al.*, 2012).

La sobreexplotación de los bosques medievales en Europa provocó que algunas aldeas, asociaciones agrarias, monasterios y ciudades bosquejaron los primeros conceptos y reglamentos enfocados a mantener los bosques en buenas condiciones y evitar su devastación (Schmithüsen, 2013). A pesar de ello, el desarrollo industrial de la segunda mitad del siglo XVIII provocó una considerable pérdida del área de vegetación boscosa europea. Es así, que a principios del siglo XIX surgieron las primeras escuelas y academias forestales en Alemania, Francia, Noruega, Dinamarca

y Rusia que buscaban introducir la investigación y los principios científicos con el propósito de que la extracción de madera se llevara a cabo de forma ordenada y sostenible, con énfasis en la importancia de mantener el suelo que se destina a la producción forestal (Schmithüsen, 2013).

Con el advenimiento de la genética, en la segunda mitad del siglo XX comenzó un genuino interés de la comunidad internacional de científicos forestales para entender los principios básicos que rigen las características fenotípicas de especies arbóreas. Con ello se hizo posible la clasificación sistemática, la comprensión de las dinámicas ecológicas y poblacionales que afectan su evolución, así como la asimilación de los procesos bioquímicos y fisiológicos con implicaciones en el desarrollo. Asimismo, se llevaron a cabo los primeros estudios de genética cuantitativa y mejoramiento genético por medio de la selección de individuos sobresalientes a fin de dar seguimiento a la herencia de caracteres valiosos y estimar teóricamente las variaciones genéticas aditivas y no aditivas (Libby *et al.*, 1969).

En México, la investigación formal en temas forestales se inició con el decreto de creación del Instituto Mexicano de Investigaciones Forestales en 1932 (Urbina, 2017) y, más adelante, con la creación del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales (INIF) y del Colegio de Postgraduados (Colpos). Es dentro de estas instituciones que comenzó la inclinación por implementar los modernos conceptos genéticos al sector forestal a finales de la década de 1950 (SAGARPA, 2017; Urbina, 2017). Durante las siguientes décadas fueron consolidados los primeros programas forestales de manejo y mejoramiento de germoplasma en los campos experimentales del INIF, junto con la creación de los bancos de semilla, y el Herbario Forestal. Finalmente, con la evolución del INIF en el actual Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, y la creación del laboratorio de germoplasma y biotecnología forestal del Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Conservación y Mejoramiento de Ecosistemas Forestales (Cenid Comef) se impulsaron líneas de investigación de vanguardia que, en conjunto al manejo convencional, fortalecen los

programas públicos de mejoramiento forestal y conservación de los recursos genéticos del país (Vallejo *et al.*, 2019).

Continuamente ligados al Plan Nacional de Desarrollo (Presidencia de la República, 2019), los programas de investigación del INIFAP en mejoramiento genético forestal buscan hacer frente a los compromisos para la conservación intergeneracional de los recursos filogenéticos y contribuir al bienestar socioeconómico de las comunidades rurales de los distintos estados de la república mexicana. Las principales líneas de investigación se enfocan en conocer la diversidad y estructura genética de las poblaciones con fines de preservar su potencial evolutivo, incidir en el uso eficiente de los recursos forestales que forman parte del patrimonio biocultural de las unidades económicas rurales y la generación de ciencia de frontera que contribuya al entendimiento humano de los procesos bioquímicos, moleculares, genéticos, fisiológicos y ecológicos que influyen en la variabilidad del fenotipo de especies vegetales perennes.

Mejoramiento genético forestal convencional

El mejoramiento genético forestal convencional se fundamenta en la selección de individuos con características fenotípicas deseables y sobresalientes que forman parte de una población determinada cuando están en su etapa reproductiva. Para que el proceso de selección sea eficaz, es indispensable la existencia de variación genética dentro de su área de distribución e identificar que el rasgo de interés sea heredable y con valor socioeconómico. Estas características deben tener el potencial de incrementar la productividad de los bienes maderables o no maderables (resinas, metabolitos, frutos, etc.) que se obtienen de los recursos forestales o bien, de responder favorablemente a condiciones adversas de estrés biótico o abiótico y, de esta forma, mantener su potencial evolutivo (Zobel y Talbert, 1988).

De acuerdo con lo anterior, los datos obtenidos de la selección de individuos de una población determinada ofrecen información rigurosa acerca de la plasticidad del

fenotipo. No obstante, esta información es insuficiente y conforme avanzan los programas de mejora genética, se vuelve necesario el uso de metodologías de evaluación que permitan la estimación de parámetros genéticos (Torres, 2000). De esta forma se estructura la descripción fenotípica en bases de datos y se relaciona a su origen geográfico para definir la procedencia del germoplasma. Posteriormente se recolectan semillas (NMX-AA-169-SCFI-2016) y se establecen los ensayos de procedencia, es decir, la plantación de genotipos con distinto origen geográfico en un sitio común con características fisiográficas y ambientales homogéneas para evaluar su comportamiento a lo largo del tiempo (Callaham, 1964). En complemento a lo anterior, los genetistas forestales realizan pruebas de progenie (la evaluación en campo de individuos descendientes de árboles seleccionados) con el fin de predecir con herramientas estadísticas los valores genéticos de los padres en función del rendimiento de sus descendientes (White y Hodge, 1989).

El objetivo de los ensayos de procedencia y progenie con respecto al mejoramiento de especies forestales es obtener ganancia genética. Es decir, contar con un rendimiento superior de la característica fenotípica evaluada con respecto al rendimiento promedio en la población natural. Esto se logra gracias al uso de genotipos sobresalientes, la cuantificación de variables fenotípicas y la estimación de heredabilidad de los caracteres (Flores *et al.*, 2014). Sin embargo, a pesar de casos exitosos de distintas plantaciones forestales en la obtención de ganancia genética, el mejoramiento genético convencional tiene limitantes; entre ellas, la existencia de sesgos en la estimación del genotipo, ya que la expresión del fenotipo es afectada no solo por la variación genética sino también por el ambiente y los efectos de dominancia y epistasis (White *et al.*, 2007). Por otro lado, los ensayos de procedencias y progenies en árboles implican una importante inversión en recursos económicos, logística y tiempos muy extensos de ciclos de selección antes de lograr resultados significativos (Lynch y Walsh, 1998). Por ello ha sido necesario crear

métodos que permitan realizar la selección de forma eficiente para disminuir tiempos, costos y estimar la heredabilidad y ganancia genética de forma más precisa.

La selección temprana es un tipo de selección indirecta en el cual múltiples rasgos que se manifiestan en edades prematuras son cuantificadas y correlacionadas con una cualidad de interés económico que solo puede observarse en etapas maduras del individuo (Vargas-Hernandez y Adams, 1992; Wu, 1998; White *et al.*, 2007). Sin embargo, esta técnica de selección plantea dos retos principales: 1) definir la edad óptima para la selección de la próxima generación; y 2) implementar el uso de datos de evaluación temprana para mejorar la selección. Para ello, es necesario crear matrices de correlación robustas para calcular el índice de selección con mayor exactitud (Burdon, 1989).

A partir de la década de 1960 se realizaron las primeras colectas de germoplasma en especies de coníferas en México. En 1963, el INIF inició un programa para el establecimiento de áreas semilleras de *Pinus spp.*, *Abies spp.* y *Pseudotsuga spp.*; aunque no fue hasta 1985, con la creación del Centro de Genética Forestal A. C., que los esfuerzos por la mejora genética forestal aumentaron de manera significativa. Paralelamente, el Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) resultado de la fusión en 1985 de los Institutos Nacionales de Investigaciones Forestales (INIF), Agrícolas (INIA) y Pecuarias (INIP), retomó las investigaciones y acciones orientadas a dicho propósito con el programa de mejoramiento genético de especies leñosas de valor comercial. En 1993, el INIFAP implementó actividades de recolección de germoplasma de cedro rojo (*Cedrela odorata* L.), caoba (*Swietenia macrophylla* King), sac-chacá (*Dendropanax arboreus* (L.) Decne. *et* Planch.), y bojón (*Cordia alliodora* Ruiz & Pav.), con el fin de obtener líneas mejoradas de las especies con alto potencial productivo para el centro y sur de Veracruz (Sánchez *et al.*, 2003).

Asimismo, con el apoyo económico de algunos gobiernos estatales, asociaciones de productores y empresas privadas, se iniciaron programas de mejoramiento genético

forestal en varios estados del norte y centro del país. Desafortunadamente, después de algunos años de operación, la mayoría de los programas de mejoramiento genético fueron cancelados en forma temporal o de manera definitiva debido a la falta de financiamiento y la ausencia de vinculación con el sector productivo. Esta situación impidió que los esfuerzos redundaran en huertos que funcionen como proveedores de semilla genéticamente mejorada que pueda usarse de forma intensiva en campañas de reforestación o plantaciones comerciales (FAO, 2012).

Por otro lado, con la creación de la Comisión Nacional Forestal (Conafor) en 2001, se establecieron acciones específicas enfocadas a la producción de germoplasma forestal de origen conocido y genéticamente mejorado. Simultáneamente, se implementaron actividades para la creación de un Sistema Nacional de Recursos Genéticos Forestales, con la finalidad de integrar y fomentar las acciones de la producción y del mejoramiento genético forestal (FAO, 2012).

Estas acciones de mejoramiento genético se han concentrado en pocas especies de los géneros: *Pinus*, *Cupressus*, *Taxus*, *Eucalyptus*, *Gmelina*, *Hevea*, *Cedrela* y *Swietenia*; por el valor económico que representa la producción de madera aserrada, muchas de ellas ya están siendo evaluadas para su posible uso comercial y ambiental (FAO, 2012). No obstante, la mayoría de las plantaciones forestales comerciales en México no cuentan con programas de mejoramiento genético y son de tamaño reducido. Por lo tanto, los resultados en el avance de las actividades de mejora muestran diferente grado de éxito en cada una de las especies involucradas y con diferentes perspectivas de permanencia a largo plazo (Conafor, 2009).



Selección asistida por marcadores moleculares

Otra forma de realizar una selección de genotipos superiores es por medio de la evaluación de información genética derivada directamente del estudio del material hereditario contenido en los ácidos desoxirribonucleico (ADN) y ribonucleico (ARN). A diferencia de la variación encontrada en los fenotipos, la variabilidad del ADN identificada dentro o entre poblaciones no es afectada por las condiciones ambientales, sino que es resultado de las fuerzas evolutivas que han influido en la adaptación de la especie a su área de distribución (Francia *et al.*, 2005). Con el desarrollo de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR) se impulsó la forma de estudiar y entender la molécula principal de la herencia de los caracteres (Bartlett y Stirling, 2003). Con la técnica de PCR se han diseñado marcadores de ADN (de núcleo, cloroplasto o mitocondria) que permiten cuantificar la diversidad genética de una especie y aplicar esta información en programas de mejoramiento genético en especies perennes (Porth y El-Kassaby, 2014).

En el Campo Experimental Tecomán de INIFAP, con la colaboración del Colegio de Postgraduados, se han estudiado marcadores del tipo SSR (*single sequence repeats*) para la identificación de híbridos de limón mexicano (Carrillo-Medrano *et al.*, 2018). Los SSR son regiones distribuidas de forma no aleatoria a lo largo del genoma y se caracterizan por ser repeticiones en *tándem* de conjuntos de nucleótidos (Carneiro *et al.*, 2016). En su estudio, Carrillo-Medrano y colaboradores (2018) consiguieron identificar y diferenciar de forma exitosa 13 cruces de limón mexicano con otras variedades por medio del uso de cuatro marcadores moleculares. Lo anterior fue realizado como parte del programa de mejoramiento genético de limón mexicano del INIFAP-Tecomán en la búsqueda de genotipos con mayor resistencia a las enfermedades.

Por otra parte, algunos investigadores del Campo Experimental Uruapan-CIR-Pac del INIFAP elaboraron un protocolo de descripción de la diversidad genética de *Pinus pseudostrabus* Lindl. del área semillera de la región hidrológica (RH) Lerma-Santiago

(Orozco *et al.*, 2010). Esta RH es de las más complejas del país por la gran diversidad de sus características hidrológicas, geográficas, económicas, étnicas e históricas, además de reunir a una numerosa concentración poblacional. Por ello, la obtención de germoplasma de calidad es indispensable para los planes de manejo y reforestación. Los AFLP (*Amplified Fragment Length Polymorphism*) obtenidos por Orozco *et al.* (2010) son el primer paso para un programa de evaluación de calidad de semilla ya que estos marcadores moleculares detectan múltiples *loci* y permiten estimar diferentes parámetros de genética poblacional.

Otro ejemplo interesante del INIFAP referente al uso de marcadores moleculares en el sector forestal fue la genotipificación del árbol del hule (*Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg.) mediante un análisis de disociación de alta resolución (HRM) (Ortiz *et al.*, 2017). Este análisis automatizado permite discernir, con bajo costo y gran precisión, la variación existente entre dos o más secuencias polimórficas. En el estudio realizado por el Laboratorio de Biotecnología Forestal del Cenid Comef se utilizaron tres marcadores genéticos para diferenciar diez líneas clonales y fue llevado a cabo a la par de la caracterización morfológica. Lo anterior es relevante para el mejoramiento y la selección del cultivo de hule, porque proporciona certidumbre durante la producción de planta en vivero, el establecimiento de jardines de multiplicación y de plantaciones comerciales. También facilita la selección de plantas con base en su susceptibilidad o tolerancia a plagas y enfermedades, así como el mantenimiento y conservación de su germoplasma. (Ortiz *et al.*, 2017).

El común denominador de los tres ejemplos anteriores es el uso de la técnica de la PCR para identificar algunas características genéticas propias de diferentes variedades o poblaciones de individuos. Sin embargo, estas técnicas suelen complicarse cuando se trata de hacer una asociación más detallada entre las variaciones genéticas y las fenotípicas. Esto obedece a tres limitantes: 1) La cantidad de marcadores moleculares es poca en relación al tamaño del genoma, lo que implica un sesgo importante de información; 2) Gran parte de la variación se ubica en

regiones desconocidas o no codificantes, lo que impide la comprensión de los genes y mecanismos fisiológicos involucrados en el fenotipo; y 3) En hacer estudios que involucren muchas poblaciones y un gran número de individuos se vuelve costoso y difícil de operar y analizar. Para contrarrestar lo anterior, en los años recientes se ha promovido el uso de tecnologías de secuenciación masiva de última generación y de herramientas bioinformáticas para acelerar el proceso de domesticación de los árboles (Harfouche *et al.*, 2012; Isik, 2014).

Ejemplo de lo anterior es el estudio de la variedad de limón mexicano del INIFAP en respuesta a la infección de *Candidatus Liberibacter asiaticus*, agente causal de la enfermedad del Dragón Amarillo (llamada también *Huanglongbing* o HLB) que provoca enormes pérdidas económicas en las plantaciones de cítricos alrededor del mundo. Mediante la técnica de secuenciación del conjunto de ARN mensajeros (RNA-seq) se obtuvieron 41 522 transcritos. Este conjunto de datos representa el primer acercamiento del uso de la técnica de RNA-seq para el limón mexicano y revela información valiosa para futuros programas de mejoramiento, será una herramienta esencial que facilitará el diseño de nuevos marcadores moleculares para diagnosticar y estudiar la enfermedad de HLB (Arce-Leal *et al.*, 2020).

Vaccinium macrocarpon Aiton (arándano rojo) es un arbusto perenne de poco tamaño que pertenece a la familia Ericaceae. Es ejemplo de un recurso forestal no maderable que en conjunto con otras bayas se han convertido en uno de los productos agrícolas/forestales más importante del país debido al valor de su exportación. En un estudio realizado por el investigador Diaz-Garcia y colaboradores (2020) del Campo Experimental Pabellón-INIFAP, se llevó a cabo un análisis de secuenciación por genotipificación para identificar el estado de domesticación de esta especie. En la investigación se emplearon 121 accesiones nativas (silvestres) y 111 accesiones comerciales seleccionadas. Como resultado, se detectaron más de 21 000 polimorfismos de nucleótido único (SNP) en sus diez cromosomas. Los análisis de los datos genéticos revelaron una clara transición direccional y gradual de las formas

silvestres hacia las cultivadas. No obstante, los autores también mencionaron que la introgresión recurrente del germoplasma silvestre en los cultivares comerciales y el reducido número de ciclos de reproducción ha ralentizado la diferenciación genética entre materiales de arándano silvestre y cultivado. Esto demuestra que se requieren innovaciones de vanguardia para acelerar el proceso de mejoramiento genético en especies de ciclos de vida largo (Díaz-García *et al.*, 2020).

Propagación vegetativa

Como se mencionó anteriormente, los árboles y otras plantas perennes de vida larga (incluyendo plátanos y palmeras) se domesticaron en tiempo posterior al cultivo de especies anuales: pocos árboles lo hicieron desde hace más de 4 000 años, pues la mayoría han pasado por este proceso en los últimos 2 000 años (Meyer *et al.*, 2012). El origen del cultivo de árboles tiene una estrecha relación con el desarrollo y manejo de técnicas de propagación vegetativa, en particular esquejes e injertos (Meyer *et al.*, 2012). Este tipo de reproducción de plantas permite multiplicar, de forma práctica, un genotipo/fenotipo de particular interés y es esencial para la silvicultura (Libby y Rauter, 1984). El INIFAP ha contribuido al desarrollo de propagación asexual, caracterización y establecimiento de huertos clonales de árboles tropicales y frutales. Investigadores del área forestal en Veracruz y Quintana Roo han logrado la estandarización de los protocolos de propagación vía injerto del cedro rojo (*Cedrela odorata*) y la caoba (*Swietenia macrophylla*) para el establecimiento de bancos clonales y huertos semilleros asexuales. Esto se ha llevado a cabo en el Campo Experimental El Palmar, Veracruz y en el Sitio Experimental San Felipe Bacalar, Quintana Roo (Sánchez *et al.*, 2003; Curti-Díaz *et al.*, 2012; Salazar-García *et al.*, 2016; Ortiz *et al.*, 2017; Avendaño-Arrazate y Cueto-Moreno, 2018; Sampayo-Maldonado *et al.*, 2019; Cob *et al.*, 2020).

Por otro lado, el cultivo *in vitro* también permite la multiplicación de material seleccionado. Esta técnica se basa en la característica totipotente de la célula vegetal; con la cual, a

partir de un fragmento de la planta se puede regenerar un individuo completo. En el Laboratorio de Biotecnología Forestal del Cenid Comef del INIFAP se han desarrollado diversos protocolos de cultivo *in vitro* para especies forestales. Ejemplo de ello lo constituye el método de propagación de la caoba (*Swietenia macrophylla*) que mediante la germinación *in vitro*, la proliferación de yemas axilares y la obtención de callo se puede utilizar para la regeneración de plantas completas, la realización de investigaciones sobre sus rutas bioquímicas y la producción de metabolitos naturales con potencial de defensa en contra de plagas (Wegier *et al.*, 2013).

Aunado a lo anterior, el aguacate mexicano (*Persea americana* Mill. var. *drymifolia*), que forma parte del banco de germoplasma de INIFAP, se ha propagado de forma exitosa en medio basal Murashige y Skoog (MS). El protocolo desarrollado generó plantas aclimatadas en condiciones de invernadero. Esta multiplicación en condiciones de laboratorio permite producir plantas resistentes a un entorno adverso como sequía, inundación, salinidad o ausencia de patógenos (Cortés-Rodríguez *et al.*, 2011).

La micropropagación también puede ser útil para inducir variabilidad genética que no existe en la naturaleza. El uso de radiación ionizante como los rayos X, rayos gamma y neutrones, o bien el uso de mutagénicos químicos, producen cambios en el material genético. Cuando dicha técnica es aplicada en material vegetativo *in vitro*, sujetas a una determinada presión de selección (por ejemplo, salinidad o sequía), se pueden obtener nuevas variantes con características mejoradas (Ahloowalia y Maluszynski, 2001). De esta forma, en colaboración con el Instituto Nacional de Investigaciones Nucleares los investigadores en biotecnología forestal del INIFAP han generado una prueba de concepto para obtener mutantes de *Pseudotsuga menziesii* (Mirb.) Franco por medio de la irradiación con diferentes dosis de rayos gamma. Este trabajo representa el primer esfuerzo del INIFAP para la inducción artificial de variabilidad genética en una conífera (Castillo-Martínez *et al.*, 2018).

Ingeniería Genética

El mejoramiento genético de especies arbóreas por medio de la tecnología del ADN recombinante es aún incipiente. La combinación de biotecnologías modernas como la síntesis de ADN, la transferencia vertical de material genético, la edición basada en el sistema CRISPR y la secuenciación de alto rendimiento de última generación, permiten, cada vez más, una manipulación precisa de los genes y los genomas (Simon *et al.*, 2019). En los últimos años ha comenzado el desarrollo de protocolos eficientes para la edición precisa de genomas de árboles y se espera que sea una herramienta poderosa para acelerar el proceso de mejoramiento genético en especies de ciclo de vida largo (Van Zeijl *et al.*, 2018; Fan *et al.*, 2020). Aunque en México aún no existen estudios que permitan la manipulación genética de estas especies, cuenta con un enorme potencial de recursos naturales y humanos para su exploración científica y no puede quedarse rezagado en el desarrollo de tecnologías propias (Vallejo *et al.*, 2019). Sin embargo, las investigaciones que se realicen al respecto deben hacerse con base en los lineamientos de bioseguridad humana y ambiental, las necesidades locales y nacionales, y las características propias de la especie que se desea estudiar, para que puedan ser aceptadas por la sociedad y tengan éxito en la solución de un problema muy particular del sector forestal mexicano.

Conclusiones y Perspectivas

Los bosques y selvas son sistemas biológicos que albergan gran diversidad y sostienen dinámicas ecológicas complejas que proveen, local y globalmente, de diversos servicios ambientales y bienes que permiten la sostenibilidad de asentamientos humanos rurales y urbanos. Dentro de estos ecosistemas, los árboles tienen un significativo interés social, ecológico, económico y espiritual; además, estas plantas perennes con ciclo de vida largo, cubren alrededor de 30 % de las tierras emergidas. Su aprovechamiento sostenible es una demanda en la sociedad actual,

principalmente por las generaciones más jóvenes, que conminan a abordar el reto desde las distintas áreas de conocimiento social y biológico.

Dadas la sobrepoblación y la crisis ambiental vigentes, se requiere de mayor cantidad y mejores innovaciones en las prácticas silvícolas. Países megadiversos y/o centros de origen de domesticación y diversificación de plantas, como lo es México, demandan la aplicación de conocimientos científicos y tecnologías de última generación que favorezcan aprovechar los bienes y servicios de los bosques de forma sostenible; que el uso de estas especies sea social, cultural y ecológicamente responsable y que además sean económicamente viables. Para ello, es apremiante darle mayor importancia al tema del mejoramiento genético forestal, como una herramienta operacional en apoyo a los programas de plantaciones forestales y optimizar los resultados. En relación con eso, México tiene amplias oportunidades para la implementación de programas de mejora genética debido a su gran diversidad de ecosistemas y especies perennes de uso humano. Si los programas de mejoramiento genético forestal se realizan de forma ordenada y bien estructurada de acuerdo con la especie de estudio y circunstancias de cada región y, por otro lado, se logran establecer vínculos exitosos entre la academia y las unidades económicas rurales, se podrá transitar hacia una economía circular que beneficie a toda la sociedad.

El INIFAP, a lo largo de sus 35 años de existencia, ha tenido como tema de investigación la genética forestal; la cual provee de información importante acerca de la evolución, conservación, manejo y sustentabilidad de los bosques naturales y plantaciones forestales y frutales. Sin embargo, estos esfuerzos se han visto limitados por falta de programas a mediano, y largo plazo y el apoyo para la modernización de la infraestructura en campo y laboratorio. De esta forma, a pesar de algunos esfuerzos aislados, no se ha logrado consolidar un programa institucional robusto que logre vincular efectivamente al INIFAP con otras instituciones nacionales e internacionales donde las investigaciones están más avanzadas.

Hoy en día existen ejemplos en el extranjero -en especies leñosas- que utilizan herramientas de última generación en biología molecular para definir asociaciones del genotipo con el fenotipo (Valenzuela *et al.*, 2021), la caracterización de su genotipo y su fisiología (Ye *et al.*, 2019) y la detección de genes de importancia a la tolerancia al estrés (Gong *et al.*, 2018). En México, existen grupos de investigación de reconocido prestigio que analizan, a través de la genómica ecológica y la genética tradicional, la diversidad de los recursos genéticos forestales con fines de conservación y desarrollo de modelos predictivos de los rasgos fenotípicos que puedan ser aplicables a programas de manejo forestal sostenible (Wehenkel *et al.*, 2017; Arenas *et al.*, 2021). Es por ello, que el INIFAP debe apoyar y fortalecer los programas de mejoramiento de ecosistemas forestales, aprovechar la experiencia de sus investigadores, la infraestructura de sus laboratorios y campos experimentales, y convertirse en un referente nacional para el sector forestal de México al contribuir a resolver los retos ambientales y sociales del siglo XXI.

Agradecimientos

La presente revisión tiene como objetivo conmemorar y reconocer el esfuerzo del personal investigador que a lo largo de la historia del INIFAP ha puesto interés, empeño y experiencia con el fin de contribuir a la conservación y mejoramiento genético de especies forestales de México. Se agradece al gobierno federal y gobiernos estatales el apoyo económico para la realización de diversos proyectos de investigación.

Conflicto de intereses

Los autores declaran que no tienen ningún conflicto de interés relacionado con el contenido del presente texto.

Contribución por autor

Miguel Ángel Vallejo Reyna: elaboración de las secciones relacionadas con el uso de herramientas biotecnológicas en el mejoramiento genético forestal y la edición del manuscrito; José Vidal Cob Uicab: elaboración de la sección relacionada con mejoramiento genético convencional. Ambos autores contribuyeron de igual forma en la revisión final y aprobación del contenido.

Referencias

- Abbo, S. and A. Gopher. 2020. Plant domestication in the Neolithic Near East: The humans-plants liaison. *Quaternary Science Reviews* 242:106412. Doi:10.1016/j.quascirev.2020.106412.
- Ahloowalia, B. S. and M. Maluszynski. 2001. Induced mutations - A new paradigm in plant breeding. *Euphytica* 118:167–173. Doi: 10.1023/A:1004162323428.
- Arce-Leal, Á. P., R. Bautista, E. A. Rodríguez-Negrete, M. Á. Manzanilla-Ramírez, J. J. Velázquez-Monreal, J. Méndez-Lozano, E. R. Bejarano, A. G. Castillo, M. Gonzalo C. and N. E. Leyva-López. 2020. *De novo* assembly and functional annotation of *Citrus aurantifolia* transcriptome from *Candidatus Liberibacter asiaticus* infected and non-infected trees. *Data in Brief* 29:105198. Doi: 10.1016/j.dib.2020.105198.
- Arenas, S., A. J. Cortés, A. Mastretta-Yanes and J. P. Jaramillo-Correa. 2021. Evaluating the accuracy of genomic prediction for the management and conservation of relictual natural tree populations. *Tree Genetics and Genomes* 17(1):1–19. Doi:10.1007/s11295-020-01489-1.
- Avendaño-Arrazate, C. H. y J. Cueto-Moreno. 2018. "Lacandón": nuevo clon de cacao criollo (*Theobroma cacao* L.) mexicano. *Agroproductividad* 11(9):169–171. Doi: 10.32854/agrop.v11i9.1232.

Bartlett, J. M. S. and D. Stirling. 2003. A short history of the polymerase chain reaction. *In*: Bartlett, J. M. S. and D. Stirling (eds.). PCR Protocols. Methods in Molecular Biology. Vol 226. Humana Press. Totowa, NJ USA. Doi: 10.1385/1-59259-384-4:3.

Burdon, R. D. 1989. Early selection in tree breeding: principles for applying index selection and inferring input parameters. Canadian Journal of Forest Research 19(4):499–504. Doi: 10.1139/x89-076.

Callaham, R. Z. 1964. Provenance research: Investigation of genetic diversity associated with geography. Unasylva 18(2–3): 1-12.

https://www.fs.fed.us/psw/publications/callaham/psw_1963_callaham001.pdf
(28 de febrero de 2021).

Carneiro V., M. L., L. Santini, A. Lima D. and C. de Freitas M. 2016. Microsatellite markers: What they mean and why they are so useful. Genetics and Molecular Biology 39(3):312-328. Doi: 10.1590/1678-4685-GMB-2016-0027.

Carrillo-Medrano, S. H., M. A. Gutiérrez-Espinoza, M. M. Robles-González y S. Cruz-Izquierdo. 2018. Identificación de híbridos de limón mexicano mediante marcadores moleculares SSR. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas 9(1):11-23. Doi: 10.29312/remexca.v9i1.844.

Castillo-Martínez, C. R., F. García-Campusano, M. A. Vallejo-Reyna, I. Reyes-Martínez y E. De la Cruz-Torres. 2018. Mutagénesis de material *in vitro* de *Pseudotsuga menziesii* y obtención de líneas mutantes. AgroProductividad 11(12):33–39. Doi: 10.32854/agrop.v11i12.1304.

Cob U., J. V., G. J. Herrera C., X. García C. and B. Rodríguez S. 2020. Morphogenic competence of vegetative buds and its effect in select adult trees cloning. Modern Agricultural Science and Technology 6(1–6):28–32. Doi: 10.15341/mast(2375-9402)/01.06.2020/004.

Comisión Nacional Forestal (Conafor) 2009. Situación actual y perspectivas de las plantaciones forestales comerciales en México. Comisión Nacional Forestal - Colegio de Postgraduados. Montecillo, Texcoco, Edo. de Méx., México. 429 p.

<http://www.conafor.gob.mx/biblioteca/PFC.pdf> (28 de febrero de 2021).

Cortés-Rodríguez, M. A., R. López-Gómez, M. M. Martínez-Pacheco, L. M. Suárez-Rodríguez, A. Hernández-García, R. Salgado-Garciglia, I. Vidales F. and M.E. Ángel P. 2011. *In vitro* propagation of Mexican race avocado (*Persea americana* Mill. var. *drymifolia*). *Acta Horticulturae* 923:47–52. Doi: 10.17660/ActaHortic.2011.923.5.

Curti-Díaz, S. A., C. Hernández-Guerra, y R. X. Loredo-Salazar. 2012. Productividad del limón “persa” injertado en cuatro portainjertos en una huerta comercial de Veracruz, México. *Revista Chapingo, Serie Horticultura* 18(3):291–305.

Doi:10.5154/r.rchsh.2010.11.109.

Diaz-Garcia, L., G. Covarrubias-Pazaran, J. Johnson-Cicalese, N. Vorsa and J. Zalapa. 2020. Genotyping-by-Sequencing identifies historical breeding stages of the recently domesticated american cranberry. *Frontiers in Plant Science* 11:607770.

Doi: 10.3389/fpls.2020.607770.

Fan, Y., S. Xin, X. Dai, X. Yang, H. Huang and Y. Hua. 2020. Efficient genome editing of rubber tree (*Hevea brasiliensis*) protoplasts using CRISPR/Cas9 ribonucleoproteins. *Industrial Crops and Products* 146:112146.

Doi:10.1016/j.indcrop.2020.112146.

Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura (FAO). 2012. Situación de los recursos genéticos forestales en México. Informe Final del proyecto TCP/MEX/3301/MEX (4).

<http://www.fao.org/3/be793s/be793s.pdf> (28 de febrero de 2021).

Flores F., C., J. López U. y S. Valencia M. 2014. Manual técnico para el establecimiento de ensayos de procedencias y progenies. Comisión Nacional Forestal. Zapopan, Jal., México. 152 p.

<http://www.conafor.gob.mx:8080/documentos/docs/19/0Manual%20Te%CC%81cnico%20para%20el%20Establecimiento%20de%20Ensayos.pdf> (28 de febrero de 2021).

Francia, E., G. Tacconi, C. Crosatti, D. Barabaschi, D. Bulgarelli, E. Dall'Aglio and G. Valè. 2005. Marker assisted selection in crop plants. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 82(3):317–342. Doi: 10.1007/s11240-005-2387-z.

Gong, X. X., B. Y. Yan, J. Hu, C. P. Yang, Y. J. Li, J. P. Liu and W. B. Liao. 2018. Transcriptome profiling of rubber tree (*Hevea brasiliensis*) discovers candidate regulators of the cold stress response. *Genes and Genomics* 40(11): 1181–1197. Doi: 10.1007/s13258-018-0681-5.

Harfouche, A., R. Meilan, M. Kirst, M. Morgante, W. Boerjan, M. Sabatti and G. Scarascia M. 2012. Accelerating the domestication of forest trees in a changing world. *Trends in Plant Science* 17(2):64–72. Doi: 10.1016/j.tplants.2011.11.005.

Harris, D. R. 1967. New light on plant domestication and the origins of agriculture: A review. *Geographical Review* 57(1):90-107. Doi: <https://doi.org/10.2307/212761>.

Isik, F. 2014. Genomic selection in forest tree breeding: The concept and an outlook to the future. *New Forests* 45:379-401. Doi: 10.1007/s11056-014-9422-z.

Libby, W. J., R. F. Stettler and F. W. Seitz. 1969. Forest genetics and forest-tree breeding. *Annual Review of Genetics* 3(1):469–494. Doi:10.1146/annurev.ge.03.120169.002345.

Libby, W. J. and R. M. Rauter. 1984. Advantages of clonal forestry. *The Forestry Chronicle* 60(3):145–149. Doi: 10.5558/tfc60145-3.

Lynch, M. and B. Walsh. 1998. Genetics and analysis of quantitative traits. Simauer Associates. Sunderland, MA USA. 980 p.

Meyer, R. S., A. E. DuVal and H. R. Jensen. 2012. Patterns and processes in crop domestication: an historical review and quantitative analysis of 203 global food crops. *New Phytologist* 196(1):29–48. Doi: 10.1111/j.1469-8137.2012.04253.x.

Orozco G., G., R. del Val D., M. González Ch., H. J. Muñoz F., V. M. Coria A. y J. J. García M. 2010. Extracción de ADN y una prueba inicial de primers en *Pinus pseudostrobus* Lindl. para marcadores AFLP. *Foresta Veracruzana* 12(2):15–20. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49719770003> (28 de febrero de 2021).

Ortiz C., E., F. García C., J. M. Hernández C., V. H. Fuentes D., L. E. Valencia G., J. Z. García P. y E. I. Flores H. 2017. Caracterización morfológica y molecular de clones de hule [*Hevea brasiliensis* (Willd. ex A. Juss.) Müll. Arg.]. Cenid Comef, INIFAP. Ciudad de México, CDMX, México. Folleto Técnico Núm. 27. 80 p.

Presidencia de la República. 2019. Plan Nacional de Desarrollo 2019-2024.

Presidencia de la República. Diario Oficial de la Federación. 12 de junio de 2019. http://www.dof.gob.mx/nota_detalle.php?codigo=5565599&fecha=12/07/2019 (28 de febrero de 2021).

Porth, I. and Y. A. El-Kassaby. 2014. Assessment of the genetic diversity in forest tree populations using molecular markers. *Diversity* 6(2):283–295. Doi:10.3390/d6020283.

Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (Sagarpa). 2017. Historia del Colegio de Postgraduados (Colpos). *In*: Calzada-Rovirosa, J. E., M. Rocatti-Velázquez y P. Galeana (eds.). Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. Secretaría de Cultura, INEHRM. Ciudad de México, CDMX, México. pp. 415–444.

Salazar-García, S., R. Medina-Torres, M. E. Ibarra-Estrada and J. González-Valdivia. 2016. Influence of clonal rootstocks on leaf nutrient concentrations in 'Hass' avocado grown without irrigation. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 22(3):161–175.

Doi:10.5154/r.rchsh.2015.06.013.

Sampayo-Maldonado, S., J. López-Upton, V. Sánchez-Monsalvo and M. Jiménez-Casas. 2019. Genetic parameters of growth, and resistance to the shoot borer, in young clones of the tree *Cedrela odorata* (Meliaceae). *Revista de Biología Tropical* 67(3):554–561. Doi: 10.15517/RBT.V67I3.32053.

Sánchez M., V., G. Salazar G., J. Vargas H., J. López U. y J. Jasso M. 2003. Parámetros genéticos y respuesta a la selección en características del crecimiento de *Cedrela odorata* L. *Revista Fitotecnica Mexicana* 26(1):19–27.

<https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/26-1/3a.pdf>

(28 de febrero de 2021).

Schmithüsen, F. 2013. Three hundred years of applied sustainability in forestry. *Unasylva*, 64(240):3–11. <http://www.fao.org/3/i3364e/i3364e.pdf> (28 de febrero de 2021).

Simon, A. J., S. d'Oelsnitz and A. D. Ellington. 2019. Synthetic evolution. *Nature Biotechnology* 37:730–743. Doi: 10.1038/s41587-019-0157-4.

Torres, J. 2000. Evaluación genética y económica de dos ensayos de progenie de *Pinus radiata* D. Don a base de un índice de selección multicriterio. *Ciencia Forestal en México* 14(1–2):1–7. http://revistacienciasforestales.uchile.d/1999-2000_vol14-15/n1-2a6.pdf (6 de mayo de 2021).

Urbina H., S. D. 2017. Evolución, situación actual y prospectiva del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP). *In*: Calzada R., J. E., M. Rocatti V. y P. Galeana (eds.). Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación. Secretaría de Cultura, INEHRM. Ciudad de México, CDMX, México. pp. 535–563.

Valenzuela, C. E., P. Ballesta, S. Ahmar, S. Fiaz, P. Heidari, C. Maldonado and F. Mora P. 2021. Haplotype-and snp-based gwas for growth and wood quality traits in eucalyptus cladocalyx trees under arid conditions. *Plants* 10(1):1–17.

Doi:10.3390/plants10010148.

Vallejo R., M. Á., C. Méndez E. y F. García C. 2019. Germoplasma y Biotecnología Forestales. *In: Zamora M., M. C. y M. E. Romero S. (eds.). XXV Aniversario del Centro Nacional de Investigación Disciplinaria en Conservación y Mejoramiento de Ecosistemas Forestales. Cenid Comef, INIFAP. Ciudad de México, CDMX, México. Publicación Especial Núm 1. pp. 30–34.*

Van Zeijl, A., T. A. K. Wardhani, M. Seifi K., L. Rutten, F. Bu, M. Hartog, S. Linders, E. E. Fedorova, T. Bisseling, W. Kohlen and R. Geurts. 2018. CRISPR/cas9-mediated mutagenesis of four putative symbiosis genes of the tropical tree *Parasponia andersonii* reveals novel phenotypes. *Frontiers in Plant Science* 9:284.

Doi:10.3389/fpls.2018.00284.

Vargas-Hernandez, J., and W. T Adams. 1992. Age-age correlations and early selection for wood density in young coastal Douglas-fir. *Forest Science* 38(2):467–478. Doi: 10.1093/FORRESTSCIENCE/38.2.467.

Vavilov, N. I. 2009. Origin and Geography of cultivated plants. Cambridge University Press. Cambridge, UK. 536 p.

Wegier, A., L. Barba-Escoto, F. García-Campusano, J. Perez S. y A. Flores G. 2013. Método para el establecimiento *in vitro* de Caoba (*Swietenia macrophylla* King) a partir de explantes vegetativos. Cenid Comef, INIFAP. México, D.F., México. 84 p.



Wehenkel, C., S. del R. Mariscal-L., J. P. Jaramillo C., C. A. López S., J. J. Vargas H. and C. Sáenz R. 2017. Genetic diversity and conservation of Mexican forest trees. *In: Ahuja, M. R. and S. M. Jain. (eds.). Biodiversity and conservation of woody plants. Sustainable Development and Biodiversity, vol 17. Springer Cham. New York, NY USA. pp. 37–67. Doi: 10.1007/978-3-319-66426-2_2.*

White, T. L., W. T. Adams and D. B. Neale. 2007. Forest genetics. CABI. Wallingford, UK. 553 p. Doi: 10.1079/9781845932855.0000.

White, T. L. and G. R. Hodge. 1989. Concepts of progeny test analysis. *In: Predicting Breeding Values with Applications in Forest Tree Improvement. Forestry Sciences 33: 48–61. Doi:10.1007/978-94-015-7833-2_3.*

Wu, H. X. 1998. Study of early selection in tree breeding: 1. Advantage of early selection through increase of selection intensity and reduction of field test size. *Silvae Genetica 47(2–3):146–155. <https://agris.fao.org/agris-search/search.do?recordID=DE1999T30076> (28 de febrero de 2021).*

Ye, G., H. Zhang, B. Chen, S. Nie, H. Liu, W. Gao, H. Wang, Y. Gao and L. Gu. 2019. De novo genome assembly of the stress tolerant forest species *Casuarina equisetifolia* provides insight into secondary growth. *Plant Journal 97(4):779–794. Doi: 10.1111/tpj.14159.*

Zobel, B. y J. Talbert. 1988. Técnicas de mejoramiento genético de arboles forestales. Editorial Limusa. México, D. F., México. 545 p.



Todos los textos publicados por la **Revista Mexicana de Ciencias Forestales** –sin excepción– se distribuyen amparados bajo la licencia *Creative Commons 4.0 Atribución-No Comercial (CC BY-NC 4.0 Internacional)*, que permite a terceros utilizar lo publicado siempre que mencionen la autoría del trabajo y a la primera publicación en esta revista.