

Anexo 3
Formato para presentación de propuestas

1.- DATOS GENERALES DE LA DEMANDA A ATENDER		
Nº demanda	Nombre de la Demanda a la que atenderá con esta propuesta	
interno	interno	
Estado(s)	Municipio(s)	Fecha (DD/MM/AA)
Toda la República		30/08/2014
Beneficiarios específicos de los resultados o productos de la propuesta		
Lugar de aplicación de los resultados o productos de la propuesta		
2. DESCRIPCIÓN DE LA PROPUESTA		
Título de la propuesta		
<p align="center">Fomento y operación del subsistema de recursos genéticos forestales dentro del Centro Nacional de Recursos Genéticos (CNRG) (Componente Estimación de la Diversidad Genética)</p>		
Antecedentes		
<p>La diversidad genética es la base de la evolución, la materia prima en la cual los fenómenos de adaptación y especiación dependen. Se sabe que es necesaria para enfrentar exitosamente los retos del presente y los cambios ambientales futuros. Los estudios sobre este tema son esenciales para proveer información para la propagación, domesticación y programas de mejoramiento, así como para la conservación de los recursos genéticos de las especies bajo estudio. Para que estas prácticas sean exitosas, es necesario que la diversidad sea medida con precisión para poder determinar las relaciones genéticas entre individuos, así como los niveles y la variación de la estructura genética dentro y entre poblaciones (Osman <i>et al.</i>, 2003).</p> <p>El desarrollo de los marcadores moleculares durante las últimas décadas ha superado los problemas asociados con la clasificación basada en caracteres morfológicos. Inicialmente, marcadores como isoenzimas (Jana & Pietrzak, 1988) y RFLP's (Restriction Fragment Length Polymorphism, Botstein <i>et al.</i>, 1980) fueron usados como herramientas básicas en los estudios genéticos de plantas. Sin embargo, los nuevos marcadores basados en la técnica de PCR (Polymerase Chain Reaction), tales como los RAPD's (Random Amplified Polymorphic DNA, Williams <i>et al.</i>, 1990), ISSR's (Inter Simple Sequence Repeats, Zietkiewicz <i>et al.</i>, 1994), AFLP's (Vos <i>et al.</i>, 1995) y SSR's (Simple Sequence Repeats, Weber & May, 1989) han rebasado las limitantes que caracterizaban al uso de isoenzimas o RFLP's, además de lograr una mayor reproducibilidad de resultados (a excepción de los RAPD's) y de requerir de menores cantidades de DNA para su realización.</p>		
Justificación		
<p>El conocimiento de la distribución y cantidad de la diversidad genética dentro y entre poblaciones naturales, y la divergencia genética entre poblaciones, es de vital importancia ya que ayuda a definir las estrategias de manejo y conservación para el uso sostenible de los recursos naturales (Lindenmayer <i>et al.</i>, 2000; Finkeldey & Ziehe, 2004; Baucon, <i>et al.</i>,</p>		

2005).

Este conocimiento es necesario para la formulación de estrategias de muestreo y manejo, y especialmente para la generación de información genética que servirá de base para los planes de mejoramiento a futuro. Un análisis detallado con un número alto de marcadores moleculares, generaría un mejor entendimiento de la diversidad genética que existe en las poblaciones naturales, teniendo finalmente un impacto en la conservación de genes en los programas de mejoramiento a largo plazo y todo programa de conservación de recursos genéticos.

En muchas plantas, los marcadores moleculares han sido muy útiles para el estudio de la organización del genoma, para la evaluación de la estructura genética de las poblaciones, para estudiar los cambios evolutivos y para asistir en el mejoramiento convencional (como en el caso de cultivos básicos). En el caso de las especies forestales y en particular, de las coníferas, las isoenzimas han sido usadas ampliamente en los estudios de genética de poblaciones (Szmidt & Wang, 1993). Sin embargo, los intentos por construir mapas genéticos que sean útiles en los esquemas de selección asistida por marcadores moleculares no han sido exitosos debido al número pequeño de isoenzimas disponibles para este fin (Szmidt & Muona, 1989). En el caso de los RFLP's, los preferidos en otras especies debido a su patrón de herencia co-dominante y su especificidad, su aplicación en coníferas es restringida debido al gran tamaño del genoma y al patrón complejo de bandas que se obtiene (Devey et al., 1996).

a) AFLP's

El desarrollo de microsatélites co-dominantes y loci-específicos ha sido exitoso en muchas especies forestales, pero en el caso particular de las coníferas su desarrollo ha sido lento y mucho más difícil (Kostia et al., 1995). Como se menciona en el párrafo anterior, el sistema de marcadores moleculares más usado en coníferas ha sido los RAPD's (Yazdani et al., 1995), sin embargo, debido a su baja reproducibilidad y estabilidad a través de diferentes poblaciones, su uso es cuestionado frecuentemente (Heun & Helentjaris, 1993). Aunque cabe mencionar que no existe un sistema de marcadores específicos para cada estudio genético, en el caso de las coníferas así como otras especies latifoliadas, para las cuales no hay marcadores moleculares específicos, la técnica de AFLP's resulta ser de las más adecuadas para este análisis. Esta técnica no requiere de información previa sobre la secuencia de la especie a analizar y el nivel de polimorfismos detectados por reacción es muy alto, lo cual la convierte en la técnica ideal para el estudio de diversidad genética en poblaciones naturales.

b) Microsatélites

En algunas especies de interés comercial, como las maderas preciosas, durante los últimos años, numerosos microsatélites han sido desarrollados y caracterizados (Aldrich et al., 1998; Chase et al., 1996; Collevati et al., 1999; Dayanandan et al., 1999; Dick & Hamilton, 1999; Dutech et al., 2000; Hufford, et al., 2000; Lemes et al., 2002; Miwa et al., 2000; Rodriguez, et al., 2000; Stacy et al., 2001; White & Powell, 1997) y en particular, para el caso de *Cedrela odorata* (Hernandez et al., 2007) y *Swietenia macrophylla* (Lemes et al., 2002).

Los altos niveles de polimorfismo y la naturaleza co-dominante de los microsatélites, han hecho de estos marcadores, el sistema ideal para estudiar la diversidad genética en plantas