

Variabilidad genética y gestión forestal

Ricardo Alia, D. Agundez, N. Alba, Santiago C. González-Martínez, A. Soto

▶ **To cite this version:**

Ricardo Alia, D. Agundez, N. Alba, Santiago C. González-Martínez, A. Soto. Variabilidad genética y gestión forestal. Ecosistemas, 2003, 12 (3), pp.1-8. hal-02680490

HAL Id: hal-02680490
https://hal.inrae.fr/hal-02680490

Submitted on 31 May 2020

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution - NonCommercial 4.0 International License

ecosistemas REVISTA CIENTÍFICA Y TÉCNICA DE ECOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE

Año XII, Nº3 / 2003
Septiembre - Diciembre

Investigación

Alía, R., Agúndez, D., Alba, N., González Martínez, S.C., y Soto, A. 2003. Variabilidad genética y gestión forestal. *Ecosistemas* 2003/3 (URL: http://www.aeet.org/ecosistemas/033/investigacion5.htm)

Variabilidad genética y gestión forestal

Ricardo Alía, Dolores Agúndez, Nuria Alba, Santiago C. González Martínez y Álvaro Soto

Centro de Investigación Forestal. INIA. Carretera de La Coruña km. 7,5. E-28080 Madrid, España.

La diversidad biológica, su conservación e incremento, es uno de los principios básicos de la gestión forestal sostenible. La alta variabilidad genética de las especies forestales es responsable de los procesos de adaptación ante factores bióticos y abióticos extremos que, a su vez, aseguran la persistencia frente a los riesgos a los que están sometidas las masas forestales. En este trabajo se analizan distintos aspectos relacionados con la variabilidad genética de las especies forestales, y como la gestión forestal influye sobre ella. Se analiza la variabilidad entre poblaciones (que es una de las bases de la comercialización de material forestal de reproducción), la influencia del sistema de reproducción en la variabilidad genética de las masas y los efectos en ellas de los tratamientos selvícolas, así como la variación individual y clonal aprovechada en los programas de selección. Por último, se analiza el papel de la variabilidad genética en los programas de mejora y conservación de recursos genéticos forestales.

Introducción

La importancia que nuestra sociedad concede a la diversidad biológica se ha visto incrementada en la última década, en parte debido a la firma de la Convención de la Diversidad Biológica en 1993 y a la demanda social de espacios naturales de recreo y ocio. Hay una creciente preocupación por la pérdida de especies y hábitats, la erosión de la diversidad bajo un impacto humano cada vez mayor y la modificación de los procesos que la modelan. Al mismo tiempo, existe un desafío marcado por la complejidad de los ecosistemas y por la ignorancia de los mecanismos que sustentan la diversidad biológica.

La gestión forestal se enmarca dentro de los principios básicos de conservación de la diversidad biológica, de protección del medio y de sostenibilidad. Estos principios hacen necesario considerar, entre otros, distintos aspectos relacionados con la estimación, mantenimiento o aumento de la variabilidad genética de las especies forestales, pues determinan en gran medida la evolución futura de las poblaciones, su adaptación al medio y su conservación. Algunas actividades de gestión forestal (tratamientos selvícolas aplicados, técnicas y materiales utilizados en reforestaciones o repoblaciones) determinan o están influenciadas por las necesidades de conservación de los recursos genéticos, por la selección y mejora obtenida en los materiales objeto de repoblación y por los procesos de regeneración natural o artificial. En todos estos casos, la cuantificación de la variabilidad genética y de los mecanismos que la determinan son esenciales para una adecuada gestión forestal.

Existen diversos métodos de estudio, algunos ligados a caracteres relacionados con la adaptación o comportamiento en diferentes ambientes de los materiales ensayados (clones, progenies o procedencias). En general, esto obliga a ensayos experimentales comparativos en múltiples localidades,

idealmente cubriendo la totalidad de la distribución natural de la especie. Estos ensayos, de gran importancia en la genética forestal, ocupan considerables extensiones de terreno y tienen un largo plazo de ejecución. Por otro lado, los estudios utilizando marcadores moleculares permiten analizar aspectos relacionados con las relaciones filogenéticas de las especies o poblaciones, los sistemas de reproducción y su regeneración, así como estimar parámetros genéticos en poblaciones objeto de tratamientos selvícolas o en aquellas que son objeto de conservación.

En este artículo analizamos algunos ejemplos relacionados con la variación genética de las especies arbóreas y su aplicación a la gestión de las masas forestales ibéricas. La variación genética se puede analizar a distintos niveles jerárquicos de organización (especies, poblaciones, individuos). Su estudio responde, desde una perspectiva de gestión forestal, a la necesidad de definir la arquitectura genética de la variación de las especies, de manera que permita seleccionar aquellos individuos o poblaciones más adecuados para su uso en repoblaciones artificiales o la selección de árboles padre para la regeneración natural del bosque. Por otra parte, el análisis de la distribución entre poblaciones de la variación genética natural de una especie permite identificar regiones o áreas para la conservación de su acervo genético.

Variación geográfica

La existencia de variación genética en las especies forestales, ligada a la amplitud de su distribución geográfica y a diferencias en las características ambientales, es un hecho conocido desde antiguo. Los estudios sobre variación geográfica en especies forestales fueron realizados antes que con otras especies vegetales (Langlet, 1971). En 1917 ya se iniciaron ensayos comparativos internacionales con especies de amplio rango de distribución en Europa como *Pinus sylvestris* o *Picea abies*. En un primer momento, los estudios de variación genética se concentraron en caracteres de crecimiento como la altura o el volumen. En la actualidad, con la incorporación de potentes marcadores moleculares (microsatélites del cloroplasto y nucleares, PCR-RFLPs y AFLPs, principalmente), se ha podido avanzar en el conocimiento de la estructura geográfica de la diversidad y en los procesos de recolonización postglacial de las principales especies forestales europeas (*Quercus spp.*, *Pinus spp., Fagus sylvatica, Abies alba* y *Picea abies*, entre otras; ver, por ejemplo, Salvador et al., 2000). Las aportaciones de la genómica permitirán ampliar nuestro conocimiento sobre las causas de la variación molecular (Sederoff, 1999) y la relación de ésta con la variación adaptativa.

Con vistas a la gestión forestal, las principales aplicaciones del análisis de la variación genética a escala regional están relacionadas con la caracterización de procedencias para su uso en repoblaciones. Las *regiones de procedencia* son unidades básicas de comercialización que se han delimitado teniendo en cuenta unidades con homogeneidad ecológica y genética dentro del rango natural de cada especie (Martín et al., 1998). Los estudios realizados para su caracterización permiten determinar sus niveles de diversidad y la posibilidad de diferenciarlas, así como evaluar los riesgos asociados al movimiento de semillas entre zonas con características ecológicas distintas. Estos riesgos se producen por la notable adaptación de las procedencias a distintos ambientes. En especies como *Pinus pinaster* existe una gran diferencia genética entre las poblaciones en caracteres de crecimiento y supervivencia, resultado de adaptaciones a distintos ambientes y de la fragmentación de su área (Alía et al.., 1995; **Foto 1**).

ecosistemas REVISTA CIENTÍFICA Y TÉCNICA DE ECOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE
Año XII, Nº3 / 2003
Septiembre - Diciembre

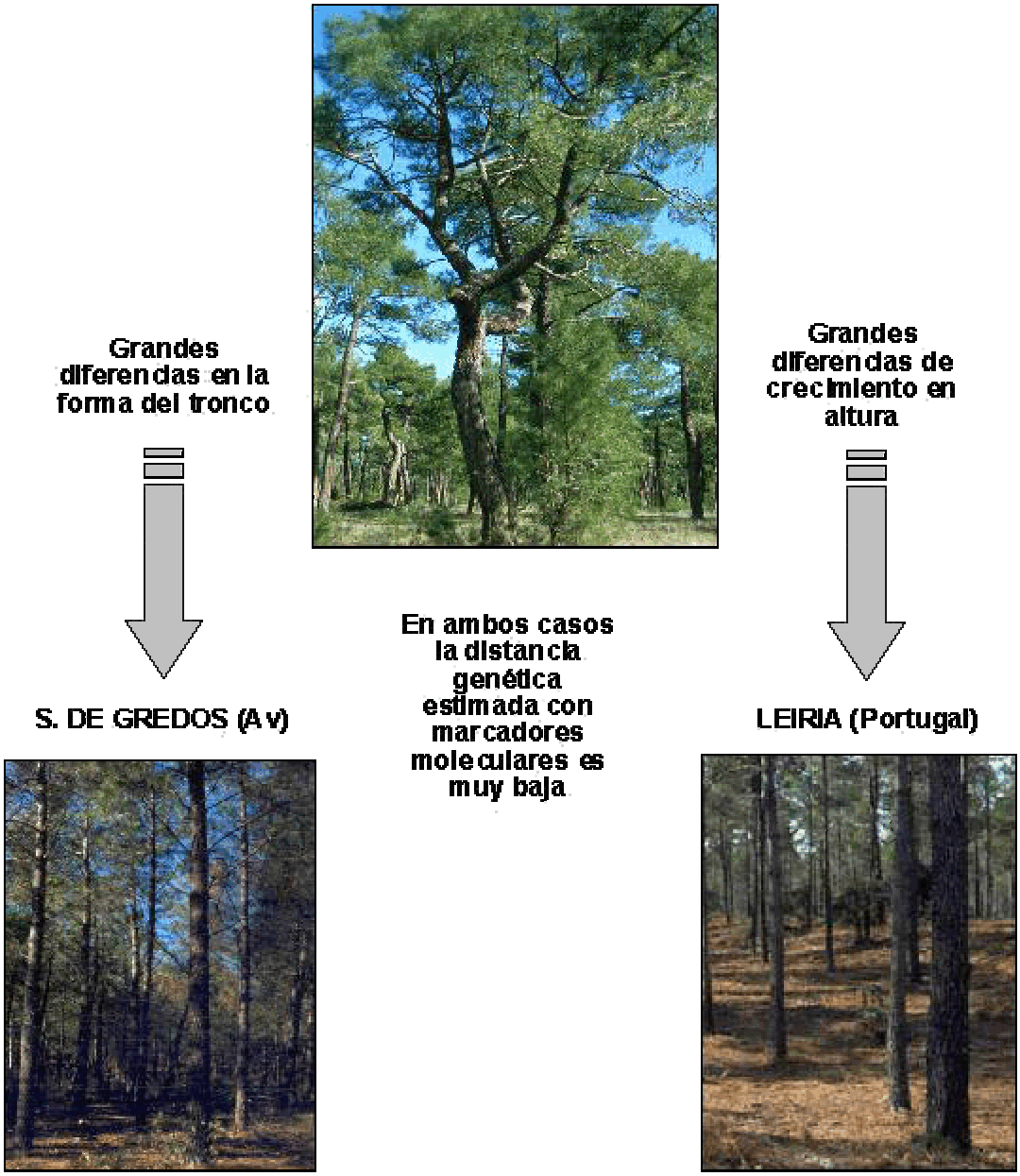


Foto 1. La adaptaciones a distintos ambientes y la fragmentación del área puede resultar en una gran diferencia genética en caracteres de crecimiento y supervivencia.

En España, la gran riqueza de especies, los altos niveles de diversidad genética presentes en las masas naturales de muchas de ellas y la existencia de poblaciones singulares con alto valor de conservación, hace necesaria una gestión forestal que evite la erosión genética que causaría un movimiento incontrolado de semillas.

Los ensayos de procedencia han demostrado que las especies presentan tipos de variación muy distintos, aunque compartan sitios con características ambientales similares. Así, entre los pinos mediterráneos, *P. pinaster* destaca por una gran variabilidad en casi todos los caracteres analizados, frente a *Pinus halepensis* que presenta una gran plasticidad fenotípica, o *Pinus pinea* que presenta una escasa variabilidad. La baja variabilidad de *Pinus pinea* es también patente a nivel molecular, según han mostrado algunos trabajos realizados con isoenzimas y microsatélites del cloroplasto. Se desconoce si la baja variabilidad genética de *Pinus pinea* se debe a la domesticación de la especie en tiempos históricos

o a procesos evolutivos naturales. En otras especies, como las del género *Quercus*, existe una gran plasticidad fenotípica y sus poblaciones presentan una gran diferenciación genética.

Flujo genético, sistemas de reproducción y gestión forestal

El flujo genético controla hasta qué punto las poblaciones evolucionan independientemente unas de otras, estableciéndose diferencias de frecuencias génicas (estructura genética; Silvertown y Charlesworth, 2001). El flujo genético puede ser analizado tanto a escala regional -que determina la estructura genética regional- como a escala local (rodales) que está relacionado con el sistema de reproducción de la especie.

Los estudios sobre flujo genético tienen varios usos:

- Delimitación de zonas de conservación evolutivamente significativas. Así, se pueden utilizar para delimitar las regiones de procedencia de las especies, o zonas de conservación de recursos genéticos forestales.
- Estimación de la contaminación polínica en zonas de reserva o producción de material mejorado (huertos semilleros, rodales o masas productoras de semilla).
- Detección del nivel de expansión de genes poco adaptados a condiciones locales.
- Estudio de los procesos de regeneración natural en masas forestales, e influencia de los tratamientos selvícolas sobre ellos. Por ejemplo, en *Pinus pinaster* el análisis del parentesco entre regenerado y árboles adultos permite determinar la distancia media de dispersión del regenerado, y la estructura geográfica existente dentro del rodal (**Figura 1**). Estas estimaciones permiten evaluar la influencia de distintos tratamientos selvícolas en la composición genética del regenerado.

Muy relacionado con los estudios de flujo genético, y de gran aplicación en la gestión forestal, es la descripción y análisis del sistema de reproducción de la especie o población. El sistema de reproducción está definido por tres criterios: el modo de reproducción (sexual o asexual); si la especie se reproduce sexualmente, la descripción del tipo de flores; y las tasas de autopolinización. También es importante la descripción de los sistemas de incompatibilidad, cuando existen, y del resto de factores que afectan la tasa de autopolinización en la especie/población estudiada. Aunque para la mayoría de las especies ibéricas estos factores son conocidos de una forma cualitativa, no es así de forma cuantitativa. Se desconoce, por ejemplo, la importancia de la reproducción asexual en algunas especies de *Populus* o *Quercus* o los niveles de endogamia por autopolinización en poblaciones con bajos tamaños efectivos poblacionales. De hecho, las tasas de autopolinización puede ser diferentes dependiendo del tipo de gestión selvicola aplicada.

ecosistemas REVISTA CIENTÍFICA Y TÉCNICA DE ECOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE
Año XII, Nº3 / 2003
Septiembre - Diciembre

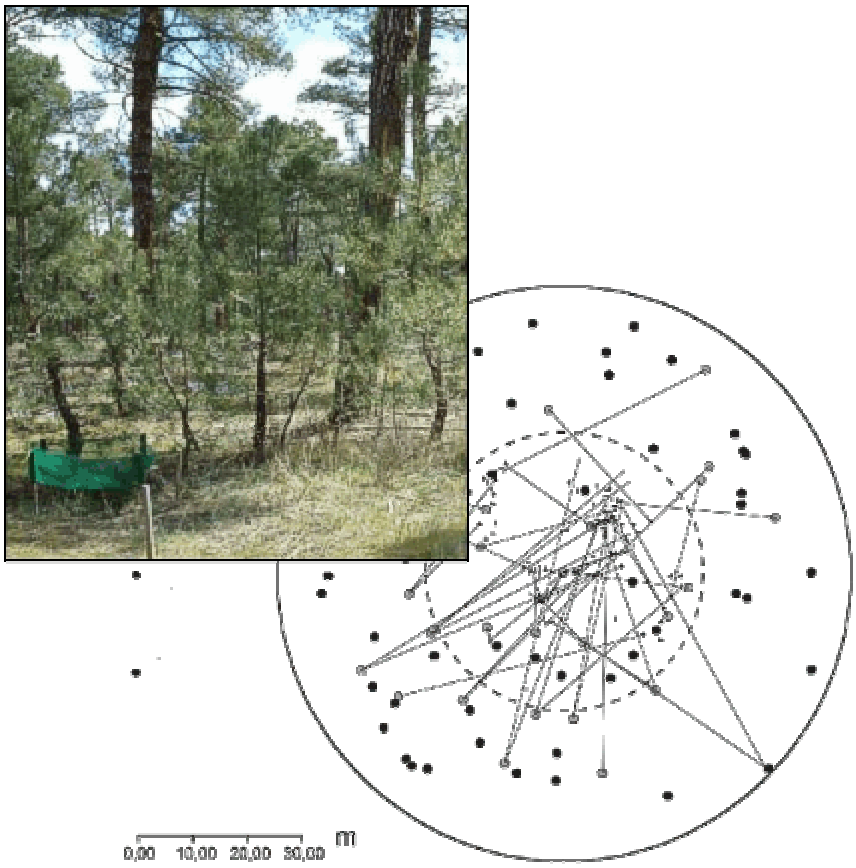


Figura 1. Los estudios del flujo genético en masas naturales permiten mejorar el conocimiento sobre el proceso de regeneración natural, y por tanto del efecto de los tratamientos selvícolas. En coníferas, como *Pinus pinaster*, el flujo genético es elevado y solo un porcentaje pequeño de plántulas tienen sus padres en las proximidades, con los que la estructura genética espacial es baja. Las líneas continuas unen los árboles madre (círculos) con su progenie (cruces) (González Martínez et al., 2002). Rodal de estudio intensivo en Coca (Segovia). En la actualidad más de 500 árboles, incluyendo adultos y regeneración natural, han sido inventariados y analizados genéticamente con marcadores moleculares en esta parcela.

Variación individual: selección

Una de las aplicaciones más extendidas de la variabilidad en la gestión forestal es la selección de masas, individuos o clones para su uso en reforestaciones. Las regulaciones sobre comercialización de material forestal de reproducción establecidas en la UE obligan a la producción de material de reproducción a partir de unos determinados materiales de base (fuentes semilleras, masas, huertos semilleros, progenitores de familia y clones), que han de cumplir una serie de requisitos para su inclusión en el catálogo Nacional, dependiente del Ministerio de Medio Ambiente.

La selección individual, para el establecimiento de huertos semilleros, se ha utilizado para algunas especies en España, principalmente del género *Pinus*. La selección clonal permite utilizar individuos genéticamente valiosos para los caracteres de interés, siendo el ejemplo más claro el de los clones de chopo. Uno de los principales requisitos de este tipo de materiales, para un correcto uso, es disponer de evaluaciones de su comportamiento en las zonas de uso, así como contar con métodos de identificación

de los materiales para poder controlar su comercialización. En este sentido, los trabajos de identificación usando marcadores moleculares muy polimórficos como AFLPs o microsatélites nucleares han mostrado gran utilidad (**Figura 2**).

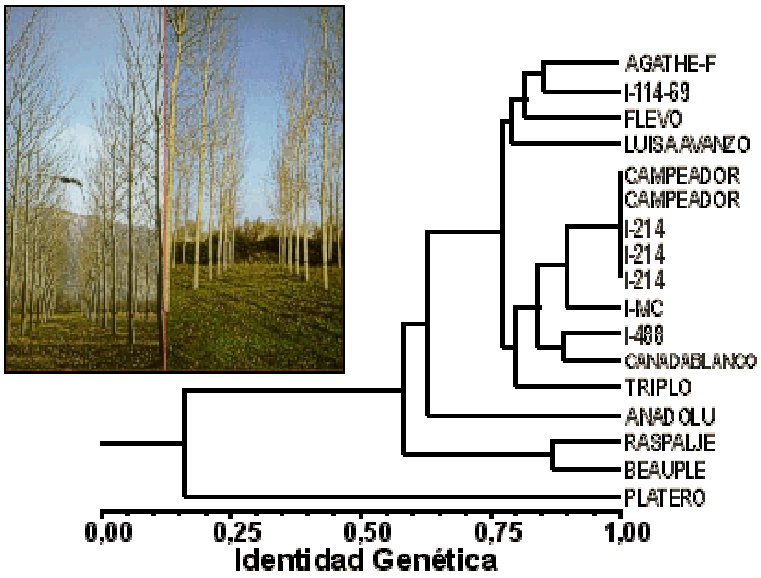


Figura 2. Caracterización clonal en *Populus* spp. Utilizando diferentes marcadores moleculares (AFLPSs, nSSRs) ha sido posible identificar cada uno de los clones existentes en el Catálogo de Material de Base, proporcionando así una valiosa herramienta para la gestión de este material genético. El árbol filogenético muestra esquemáticamente las diferencias encontradas entre dichos clones.

Los estudios de variación genética para caracteres relacionados con la tolerancia a la sequía o al frío son de especial importancia en nuestras condiciones de uso, para lo cual es necesario acudir a ensayos de campo. Los ensayos de campo en diferentes ambientes proporcionan la base para determinar el origen de semilla mejor adaptado a las condiciones locales (**Figura 3**). Actualmente, dichos estudios se complementan con estudios genómicos que permiten analizar con mayor detalle las bases moleculares de los procesos de adaptación.

ecosistemas REVISTA CIENTÍFICA Y TÉCNICA DE ECOLOGÍA Y MEDIO AMBIENTE
Año XII, Nº3 / 2003
Septiembre - Diciembre

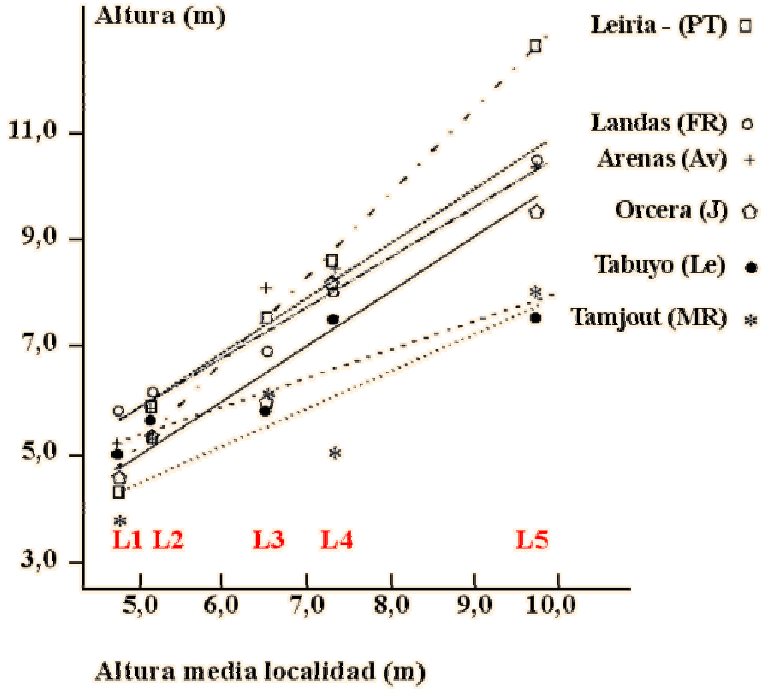


Figura 3. Normas de reacción de 6 procedencias de *Pinus pinaster* en 5 sitios de ensayo (S1 a S5) para la variable altura total. Existe un claro comportamiento diferencial, que varía según el lugar de ensayo y el origen de la semilla (procedencia).

Aplicación a la mejora y a la conservación de recursos genéticos

Las actividades de mejora y conservación de recursos genéticos forestales se enmarcan dentro de un esquema general del proceso paneuropeo sobre protección de los bosques (Turok y Borelli, 2000). Dentro de este esquema, muchas de las actuaciones de conservación *in situ* (a través de redes de conservación) y de mejora (masas productoras de semilla, principalmente) se establecen en zonas naturales sometidas a gestión forestal. La gestión de estas zonas debería realizarse teniendo en cuenta dichos objetivos de mejora y/o conservación de los recursos genéticos forestales ya que éstos, generalmente, hacen conveniente modificaciones en las actuaciones. Entre ellas destacan la forma de realizar la regeneración, la selección de los materiales de reproducción a utilizar y el tipo de cortas o tratamientos selvícolas que deben realizarse.

En España, muchas de estas actividades se han iniciado recientemente, siguiendo las directrices del programa europeo EUFORGEN sobre conservación de recursos genéticos forestales (ver Gil y Alía, 2000), y se han de canalizar a través del recientemente creado Comité Nacional sobre Mejora y Conservación de recursos genéticos forestales. Este Comité reúne a representantes de la Administración General del Estado y de las Comunidades Autónomas para coordinar los esfuerzos y actividades relacionadas con su campo de competencia. Para que estas actividades sean efectivas, ha de aumentarse el conocimiento científico sobre los niveles de variabilidad de las especies forestales, las bases genéticas de la mejora y conservación y la influencia de la gestión forestal (y posibles modificaciones de ésta) sobre su entorno. El fin último es conseguir una conservación y mejora genética efectiva basándose principalmente en las propias masas boscosas naturales.

Referencias

Alía, R., Gil, L. y Pardos, J.A. 1995. Performance of 43 *Pinus pinaster* provenances on 5 locations in Central Spain. *Silvae Genetica* 44: 75-81

Gil, L. y Alía, R. (Coord.) 2000. Conservación de recursos genéticos forestales. *Investigación Agraria: Sistemas y Recursos Forestales*. Fuera de serie 2, 249 pp.

González Martínez, S.C. 2001. *Estructura poblacional y flujo genético de Pinus pinaster Aiton en el noroeste de la Peninsula Ibérica*. Tesis Doctoral. Universidad Politécnica de Madrid.

González Martínez, S.C., Gerber, S., Cervera, M.T., Martínez-Zapater, J.M., Gil, L. y Alía, R. 2002. Seed gene flow and fine-scale structure in a Mediterranean pine (*Pinus pinaster* Ait.) using nuclear microsatellite markers. *Theoretical and Applied Genetics* 104: 1290–1297

Langlet, O. 1971. Two hundred years of genecology. *Taxon* 20: 653-722

Martín, S., Diaz, Fernández P. y De Miguel, J. 1998. *Regiones de procedencia de las especies forestales españolas. Géneros Abies, Fagus, Pinus y Quercus.* Organismo de Parques Nacionales. Ministerio de Medio Ambiente.

Salvador, L., Alía, R., Agúndez, D. y Gil, L. 2000. Genetic variation and migration pathways of maritime pine (*Pinus pinaster* Ait.) in the Iberian Peninsula. *Theoretical and Applied Genetics* 100: 89-95

Sederoff, R.R. 1999. Tree genomes: what will we understand about them by the year 2020 and how might we use that knowledge? En *Forest Genetics and sustainability* (eds. Matyas, C.), pp. 23-30, Kluwer Academic Press, Dordretch, Germany.

Silvertown, J.W. y Charlesworth, D. 2001. Introduction to plant population biology. Blackwell Science, Oxford Malden, MA, USA.

Turok, J. y Borelli, S. 2000. El camino recorrido desde la resolución S2 de Estrasburgo. *Investigación Agraria: Sistemas y Recursos Forestales.* Fuera de serie 2: 9-20.

View publication stats