

Biotecnología y Genómica de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador

Biotechnology and Genomics of threatened and endangered plants of El Salvador

Orantes, Huilhuinic¹, Ramírez, Jennifer² y Sánchez-Trejo, Lucía³

Resumen

Las biotecnologías modernas han permitido mejorar los rendimientos productivos de especies de alto interés agrícola. Pero las biotecnologías basadas en biología molecular también pueden incorporarse en estrategias de conservación de especies amenazadas y en peligro de extinción. Esta es la primera recopilación sistemática de información genómica disponible en las principales bases de datos de libre acceso, para especies vegetales amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador. La información genómica y biotecnológica presente en bases de datos de libre acceso, se agrupó en siete categorías. La categoría más común es la presencia de códigos de barra genéticos; más del 20% no cuenta con ningún tipo de información (36 especies amenazadas o 22.22% y 40 especies en peligro de extinción, 25.8%). Además, la información más escasa son los genomas completos, donde sólo está secuenciado para *Vanilla planifolia*, *Tabebuia impetiginosa* y *Utricularia gibba*. Estos resultados reflejan la poca información genómica y biotecnológica disponible para la biodiversidad vegetal vulnerable del país.

Palabras clave: bases de datos, especies vegetales, categorías de conservación, bioinformática.

Abstract

Modern biotechnology has allowed society to improve the production of high value crops. But these molecular biology-based techniques can also be applied in conservation strategies for threatened and endangered species. This is the first systematic review of available genomic and biotechnological data for threatened and endangered plants of El Salvador. All data found were grouped in seven categories, being genetic barcodes the most common found. More than 20% of plants have no genomic nor biotechnological data (36 threatened species or 22.22% and 40 endangered species, 25.8%). We also found that complete sequenced genomes are scarcest data, with only available for *Vanilla planifolia*, *Tabebuia impetiginosa* and *Utricularia gibba*. These findings show the lack of genomic and biotechnological resources regarding the endangered plant diversity of the country

Key words: database, plant species, conservation categories, bioinformatics.

¹ Coordinación Ingeniería en Agrobiotecnología, Facultad de Agricultura e Investigación Agrícola “Julia Hill de O’Sullivan”, Universidad Dr. José Matías Delgado

² Laboratorio de Química y Microbiología y Planta Piloto de Procesamiento de Alimentos, Facultad de Agricultura e Investigación Agrícola “Julia Hill de O’Sullivan”, Universidad Dr. José Matías Delgado

³ Coordinación Ingeniería en Gestión Ambiental, Facultad de Agricultura e Investigación Agrícola “Julia Hill de O’Sullivan”, Universidad Dr. José Matías Delgado

1. Introducción

El uso de la biotecnología para el aprovechamiento de plantas, en el sentido tradicional, comenzó desde la selección artificial de organismos con características deseables para aumentar la producción en cultivos (Gupta et al., 2017, Wieczorek, 2003). Con la transición a la biotecnología moderna, se incluyen las aplicaciones en todas las ramas derivadas de la genética, bioquímica y biología molecular en contextos agrícolas y de conservación. Gracias a esto, en las últimas décadas, han aumentado significativamente los rendimientos productivos de los principales cultivos de granos básicos a nivel mundial (James, 2004). A pesar que el desarrollo y uso de estas tecnologías se ha centrado en menos de 30 especies vegetales para la producción agrícola mundial (Willis, 2017), estas tienen un alto potencial de aplicación en estrategias de conservación de especies amenazadas y en peligro de extinción (Benson, 1999).

El Salvador, al estar en la región Mesoamericana, posee una variada diversidad vegetal (Myers, 2000). Pero, de más de 800 especies catalogadas para el país, 330 especies vegetales están catalogadas como amenazadas o en peligro de extinción a nivel nacional (MARN, 2015). Estas últimas representan un recurso fitogenético con un alto valor intrínseco poco estudiado o conocido que podría potenciarse como alternativa a problemáticas de seguridad y soberanía alimentaria por ser un país principalmente importador de productos de la canasta básica (USDA, 2022). Es necesario conocer el estado del conocimiento genético y biotecnológico de estas especies.

Aunque hay un reciente interés y promoción al uso seguro de la biotecnología en el país, y su integración en políticas, planes y programas nacionales, evaluación y gestión de riesgos y bioseguridad (UN Environment,

2019), existe un desconocimiento y estigmatización de la sociedad salvadoreña sobre el uso y promoción de los productos biotecnológicos agrícolas. El estado de conocimiento de las aplicaciones biotecnológicas es más agravante para estas especies vegetales con alguna categoría de amenaza que, actualmente, no son de importancia comercial. Es por esto que se considera la falta de elaboración de inventarios genéticos como un vacío de información en el país y un eje transversal de la Estrategia Nacional de Inventarios y Monitoreo de la Biodiversidad (MARN, 2003); información genómica y biotecnológica faltante para complementar las prácticas de conservación y uso de especies existentes (Breed et al., 2019).

Así, en la presente investigación, se identifica la cantidad de información genómica y biotecnológica disponible en artículos científicos y las principales bases de datos de libre acceso de secuencias cortas de nucleótidos, proteínas y genomas caracterizadas para especies vegetales amenazadas y en peligro de extinción presentes en El Salvador. Con esta primera recopilación sistemática de información biotecnológica y genómica para plantas con algún grado de amenaza para el país, se busca establecer líneas prioritarias de investigación, a fin de focalizar esfuerzos de generación de conocimiento para especies de peculiar importancia, que potencien sus usos, conocer genotipos cultivados o de alto potencial agroecológico, asegurando su conservación.

Las técnicas modernas de biotecnología, como los protocolos de cultivo de tejidos, análisis genómico molecular, desarrollo de marcadores moleculares y crioconservación, proveen medios complementarios para la gestión de recursos genéticos vegetales. Estas herramientas, cada vez son más utilizadas para la caracterización de diversidad vegetal y, por lo tanto, desempeñan un papel

importante contribuyendo a programas de conservación (Benson, 1999). Muchas de estas técnicas están orientadas a la genómica, ciencia que estudia el genoma, es decir, la totalidad de la información genética de un organismo, que incluye las regiones codificantes, o genes, y las regiones no codificantes (Hocquette, 2005). Esta información está almacenada en secuencias de nucleótidos de ADN en todos los seres vivos, las cuales se expresan mediante de forma diferencial.

A partir del carácter informativo de las secuencias de ADN, se ha desarrollado la técnica llamada codificación de barras genéticas o código de barras de ADN, que consiste en el reconocimiento de secuencias de ADN cortas y estandarizadas, que permiten la identificación de organismos a nivel de especie, e incluso establecer relaciones genéticas entre diferentes organismos (Hebert, 2003).

Actualmente, existen diversas bases de datos públicas que almacenan información genética para permitir a los usuarios acceder a ella. Sin embargo, existe poca disponibilidad de este tipo de datos sobre especies de países latinoamericanos, a comparación de la cantidad de datos moleculares disponibles sobre biodiversidad del Norte Global, almacenados en bases de datos públicas (Noreña *et al.*, 2018).

La propagación de plántulas usando tejido vegetal tiene su auge desde la década de los 90s, con diferentes avances que establecieron tendencias en los protocolos de cultivos vegetales (Conger, 2018). En la actualidad, las aplicaciones de cultivos de células y tejidos vegetales incluyen propagación asexual de clones, regeneración y rápida multiplicación de organismos con características deseables, genotipos específicos o variedades mutantes y fusión de protoplastos para crear híbridos entre

especies que son incompatibles sexualmente (Conger, 2018; Seeja y Sreekumar, 2020).

La diversidad biológica en todos los niveles ecológicos, desde poblaciones hasta el acervo genético, es esencial para la sobrevivencia y bienestar económico de la humanidad debido a los bienes y servicios que nos proporcionan los ecosistemas (Singh, 2002, párr. 3). Por esto es crucial evitar la pérdida de la biodiversidad local y establecer estrategias de conservación y restauración de las especies y poblaciones vulnerables (Noreña *et al.*, 2018). El Ministerio de Medio Ambiente y Recursos Naturales de El Salvador (MARN, 2015) define las especies en peligro de extinción y amenazadas de extinción de la siguiente manera:

Especie en peligro de extinción: Todas aquellas cuyas poblaciones han sido reducidas a un nivel crítico o cuyo hábitat ha sido reducido tan drásticamente que se considera que está en inmediato peligro de desaparecer o ser exterminada en el territorio nacional y por lo tanto requiere de medidas estrictas de protección o restauración Art.4. literal L).

“Especie amenazada de extinción: Toda aquella que si bien no está en peligro de extinción a corto plazo, observa una notable continua baja en el tamaño y rango de distribución de sus poblaciones, debido a sobreexplotación, destrucción amplia del hábitat u otras modificaciones ambientales drásticas”.

2. Materiales y métodos

Se hizo un análisis de la información genómica y biotecnológica disponible de las especies vegetales amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador, obtenidas a partir del Listado Oficial de Especies de Vida Silvestre Amenazadas o en Peligro de Extinción (MARN, 2015), publicado por el Órgano Ejecutivo del Gobierno de El

Salvador. Se verificó cada nombre científico en el listado para usar el género y la especie reconocida taxonómicamente al momento del estudio en la base de datos en línea del Sistema Global de Información sobre Biodiversidad (The Global Biodiversity Information Facility [GBIF], 2023). No se tomaron en cuenta variedades ni subespecies, solamente género y especie.

Para determinar la cantidad de información de relevancia biotecnológica y genómica disponible de cada especie, se establecieron siete categorías genómicas o biotecnológicas, y se verificaron en bases de datos genómicas, de proteínas y motores de búsqueda o repositorios científicos (Tabla 1). Toda la revisión sistemática para estas categorías, se realizó durante el mes de julio del año 2023.

Tabla 1

Categorías de información genómica y biotecnológica para plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador, con sus respectivas bases de datos o motores de búsqueda consultadas

Categoría	Base de datos consultada
Códigos de barra genéticos (CB)	GenBank del Centro Nacional para la Información Biotecnológica (NCBI, por sus siglas en inglés) - Nucleótidos (Benson <i>et al.</i> , 2012)
	Barcode of Life Data System (BOLD) (Ratnasingham y Hebert, 2007)
Secuencias proteicas (SP)	UniProtKB (https://www.uniprot.org/)
	NCBI – Proteínas (Benson <i>et al.</i> , 2012)
Otras secuencias nucleotídicas (OS)	NCBI – Nucleótidos (Benson <i>et al.</i> , 2012)
Genoma secuenciado (GS)	NCBI – Genomas y ensamblajes primarios (Benson <i>et al.</i> , 2012)
	Ensembl Plants (Yates <i>et al.</i> , 2022)
Estudios de marcaje molecular (MM)	PubMed (https://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov/) Google Académico (https://scholar.google.es/schhp?hl=es)
Protocolo de establecimiento <i>in vitro</i> (EI)	Dialnet (https://dialnet.unirioja.es/) SciELO (https://scielo.org/es/)
Protocolo de regeneración <i>in vitro</i> (RI)	

Definición de las categorías de información genómica y biotecnológica:

Códigos de barra genéticos (CB): Especie de planta que presenta al menos una secuencia utilizada como código de barras de ADN, disponible en las bases de datos consultadas.

Secuencias proteicas (SP): Planta que presenta al menos una secuencia proteica disponible en las bases de datos consultadas.

Otras secuencias nucleotídicas (OS): Especie de planta que presenta al menos una secuencia de ADN, la cual no es utilizada como código de barras de ADN, disponible en las bases de datos consultadas.

Genoma secuenciado (GS): Especie de planta que presenta al menos un genoma secuenciado, disponible en las bases de datos consultadas.

Marcaje molecular (MM): Especie de planta incluida en al menos una publicación científica de caracterización genética que implique el uso de al menos una tecnología de marcaje molecular del tipo AFLP, isoenzima, Microsatelite, RAPD, RFLP, SCoT o SNP, disponible con la metodología de búsqueda utilizada.

Establecimiento *in vitro* (EI): Especie de planta incluida en al menos una publicación científica que revele su establecimiento *in vitro* exitoso, disponible con la metodología de búsqueda utilizada.

Regeneración *in vitro*: Especie de planta incluida en al menos una publicación científica que revele su regeneración *in vitro* exitosa a partir de cualquier técnica, disponible con la metodología de búsqueda utilizada.

Para la categoría de códigos de barra genéticos (CB), se tomaron en cuenta las siguientes secuencias, utilizadas en trabajos previos que aplican códigos de barra de ADN en plantas: trnL, trnL-F, 18S-rRNA, 5S-rRNA, atpB-rbcL, atpF-atpH, atpF-H, atpH-atpI, ITS, ITS2, matK, nad1, ndhJ, petA-psbJ, psbA-trnH, rbcL, rpl32-trnL, rpoB, rpoC1, rps16, rps18-clpp, trnH-psbA, trnL-ndhJ, trnL-trnF, trnS-G, trnS-trnfM y trnT-F (Al-Qurainy *et al.*, 2011), (Al-Qurainy *et al.*, 2014), (Buddhachat *et al.*, 2015), (CBOL Plant Working Group, 2009), (Chen *et al.*, 2010), (Deng *et al.*, 2015), (He *et al.*, 2014), (Madesis *et al.*, 2012), (Mao *et al.*, 2014), (Mishra *et al.*, 2016), (Quan y Zhou, 2011), (Ran *et al.*, 2010), (Suesatpanit *et al.*, 2017), (Sun *et al.*, 2011), (Umdale *et al.*, 2017), (Zhang *et al.*, 2015), (Zhu *et al.*, 2015). Al encontrar registros de secuencias nucleotídicas diferentes a las mencionadas, se registraron en la categoría de otras secuencias (OS).

Para cumplir con la categoría de Estudios de marcaje molecular (MM), debía encontrarse

al menos una investigación pública que aplique una tecnología de marcaje molecular. Las palabras clave utilizadas para la búsqueda fueron: “molecular marker”, “AFLP”, “SSR”, “microsatellite”, “RAPD”, “RFLP”, “isoenzymes”, “SNP”, y “SCoT”, junto al nombre científico de la planta.

La categoría de establecimiento *in vitro* (EI) se completó buscando “*in vitro* establishment” o “aseptic establishment” más el nombre científico de cada planta amenazada o en peligro. De manera similar, para la categoría de protocolo de regeneración *in vitro* (RI) se buscaron las palabras clave “*in vitro* callus”, “*in vitro* regeneration”, “*in vitro* organogénesis”, “*in vitro* rhizogenesis” e “*in vitro* caulogenesis” más el nombre científico de cada planta. En ambas, se debía encontrar al menos un registro o investigación para cumplir con la categoría.

Los resultados fueron recopilados en una matriz binomial, registrando como presencia (1) el registro de al menos una secuencia, genoma o estudio publicado para cada una de las categorías, y, ausencia (0), al no existir ningún registro para la especie en dichas bases de datos. Finalmente, se cuantificó la cantidad de especies por categoría y se realizó el análisis de datos en el programa PAST (Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis) (Hammer *et al.*, 2001), aplicando un Análisis de Agrupamiento Multivariado por el Método de Medias no ponderadas (UPGMA, por sus siglas en inglés) (Sokal y Michener, 1958), en base al índice de similitud de Jaccard (Jaccard, 1908). Los resultados del agrupamiento se representaron en dendrogramas.

3. Resultados

Se buscó la información de 317 especies de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador, listado obtenido luego de la revisión de nombres científicos y eliminación de variedades y subespecies. Todas las plantas se agruparon en diferentes grupos o clústers de similitud variable en cuanto a su información genómica y biotecnológica disponible (Figura 1). De estas, 308 especies

(97.16%) forman 16 grupos, 15 comparten idénticas categorías genómicas y biotecnológicas, presentando una similitud de 1.0 (Códigos G2 a G16), mientras que un clúster (Grupo con código G1) lo conforman especies que no cumplen con ninguna categoría, o sea, que no existe información genómica o biotecnológica sobre ellas (Tabla 2).

Tabla 2

Grupos de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador con idénticas categorías genómicas y biotecnológicas

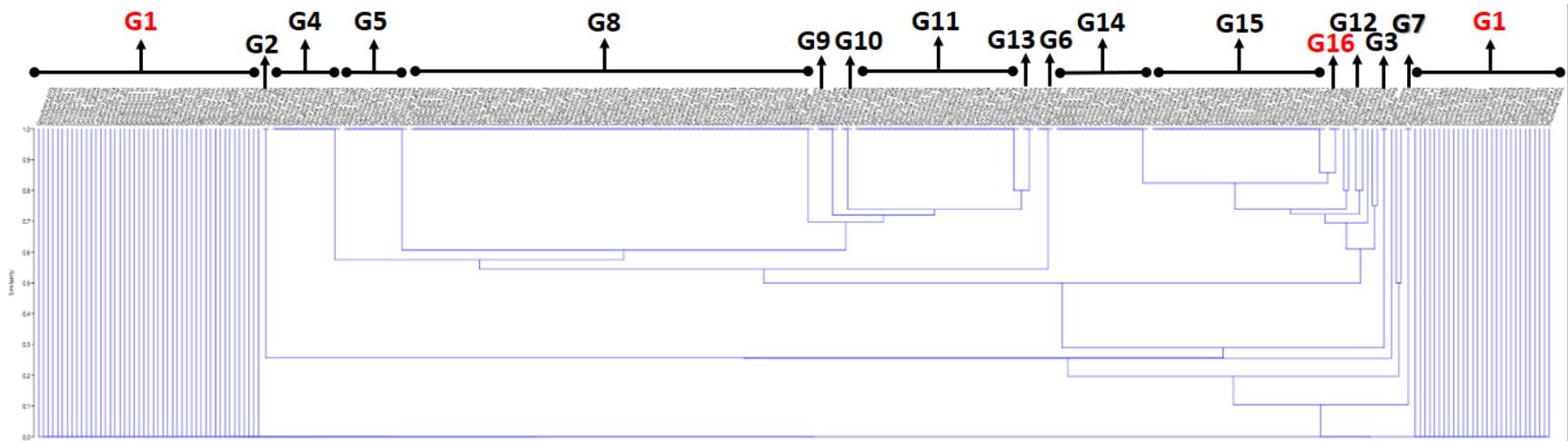
Código del grupo	Categorías por clúster	Cantidad de especies	Porcentaje
G1	NINGUNA	76	23.97
G2	OS	2	0.63
G3	CB	2	0.63
G4	CB+SP	15	4.73
G5	CB+OS	14	4.42
G6	SP+OS	4	1.26
G7	EI+RI	2	0.63
G8	CB+SP+OS	85	26.81
G9	CB+OS+MM	5	1.58
G10	CB+SP+MM	3	0.95
G11	CB+SP+OS+MM	35	11.04
G12	CB+OS+EI+RI	2	0.63
G13	CB+SP+OS+MM+EI	3	0.95
G14	CB+SP+OS+EI+RI	20	6.31
G15	CB+SP+OS+MM+EI+RI	37	11.67
G16	TODAS	3	0.95

La categoría cumplida por la mayoría de especies fue la de CB, con un total de 230 (72.56%), mientras que la que presentó menor cantidad fue la de GS, con apenas tres especies, representando menos del 1% de todo el listado de plantas amenazadas o en peligro (0.95%) (Figura 2). El nivel de información genómica y biotecnológica disponible más común entre las especies fue el tres (i.e. Existe información para tres de las siete categorías de información establecidas),

con 94 especies (30%), seguido por el nivel cero, con 76 individuos, correspondientes a un 23.97%. El nivel con menor cantidad de especies fue el siete con apenas 3, correspondientes a 0.95% (Figura 3).

Figura 1

Agrupamiento UPGMA de 317 especies de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador



Nota. Agrupamiento UPGMA de 317 especies de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador, basado en el índice de similitud Jaccard para las categorías genómicas y biotecnológicas. Se muestran en rojo los grupos G1 que no cumplen con ninguna categoría y G16, que cumple con todas.

Figura 2

Porcentaje de especies de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador por categorías genómicas y biotecnológicas

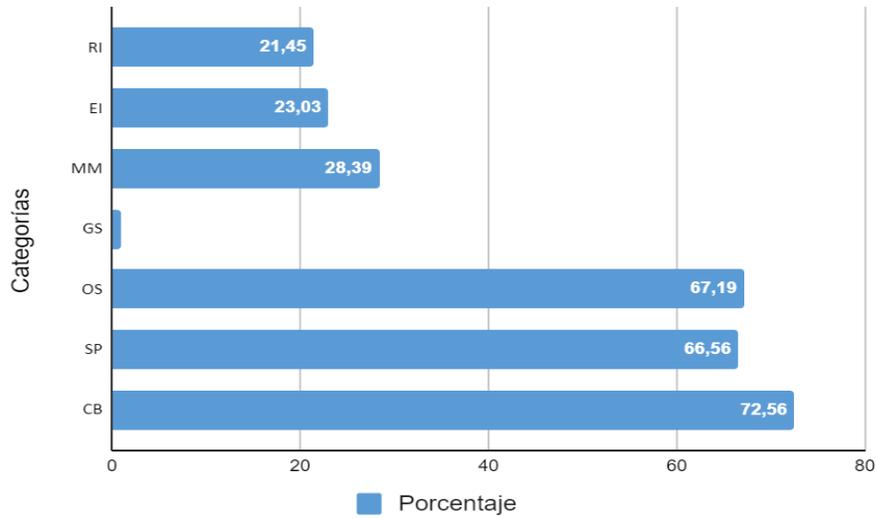
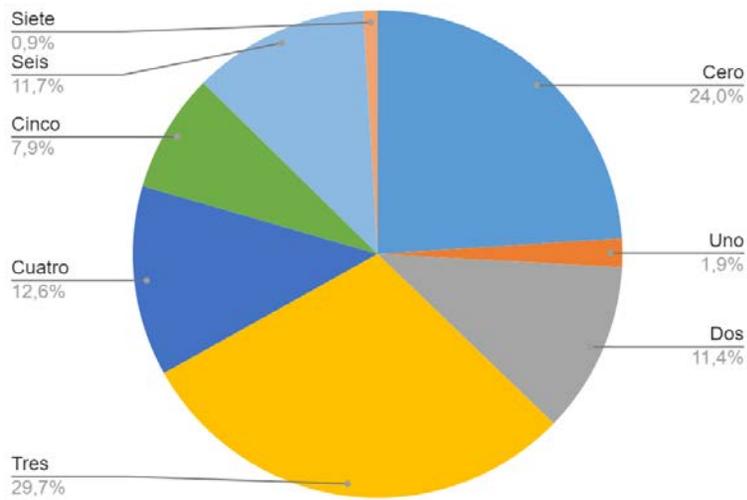


Figura 3

Porcentaje de especies de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador por nivel de información genómica y biotecnológica



3.1. Plantas en peligro de extinción

Respecto a las agrupaciones por categoría de amenaza, para las 155 especies de plantas en peligro de extinción, se forman grupos de similitud variable en cuanto a su información genómica y biotecnológica disponible

(Figura 4). Los nueve clústeres de especies con idénticas categorías genómicas y biotecnológicas presentan una similaridad de 1.0, más uno que no cumple con ninguna categoría (Tabla 3). Estos 10 clústeres abarcan 150 especies, correspondientes al 95.54% de plantas en peligro de extinción.

Tabla 3

Grupos de plantas en peligro de extinción de El Salvador con idénticas categorías genómicas y biotecnológicas

Código	Categorías	Cantidad de especies	Porcentaje
G1	NINGUNA	40	25.8
G4	CB+SP	5	3.22
G5	CB+OS	5	3.22
G6	SP+OS	2	1.29
G8	CB+SP+OS	49	31.61
G9	CB+OS+MM	3	1.93
G11	CB+SP+OS+MM	19	12.25
G14	CB+SP+OS+EI+RI	11	7.09
G15	CB+SP+OS+MM+EI+RI	14	9.03
G16	TODAS	2	1.29

Los códigos de barra (categoría CB) fueron la información más abundante encontrada para la mayoría de plantas en peligro de extinción, con 113 especies correspondientes al 72.90%. En cambio, la que presentó menor cantidad fue la de GS, con apenas dos especies (1.29%), que son *Vanilla planifolia* y *Tabebuia impetiginosa* (Figura 5). El nivel de información genómica y biotecnológica

disponible más común fue el de tres categorías, con 52 especies (33.55%), seguido por 40 especies (25.81%) que no poseen ninguna información (categoría cero) (Figura 6). Solo una especie en peligro de extinción, *Bravaisia integerrima*, tiene una categoría, CB. Este fue el nivel con la menor cantidad de especies.

Figura 5

Porcentaje de especies de plantas en peligro de extinción de El Salvador por categorías genómicas y biotecnológicas

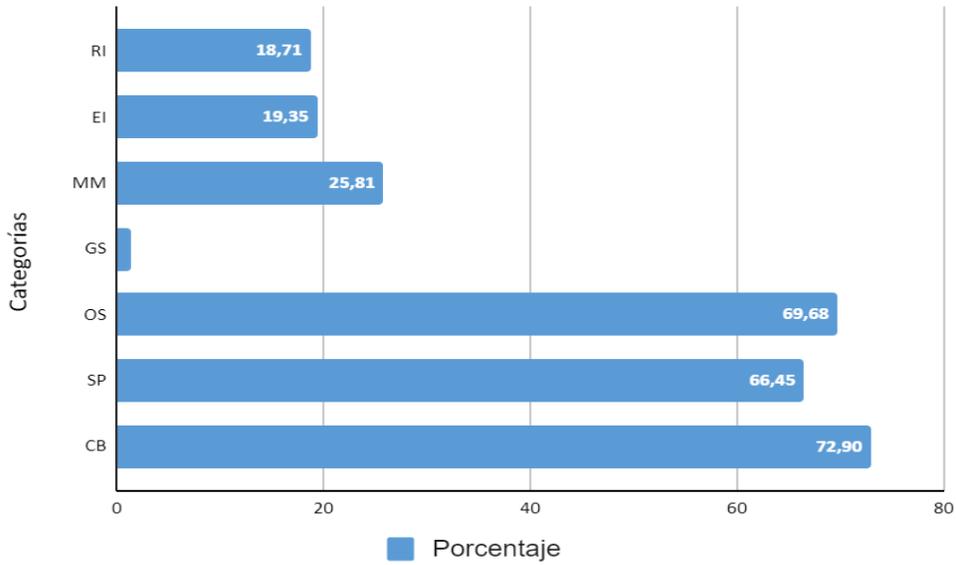
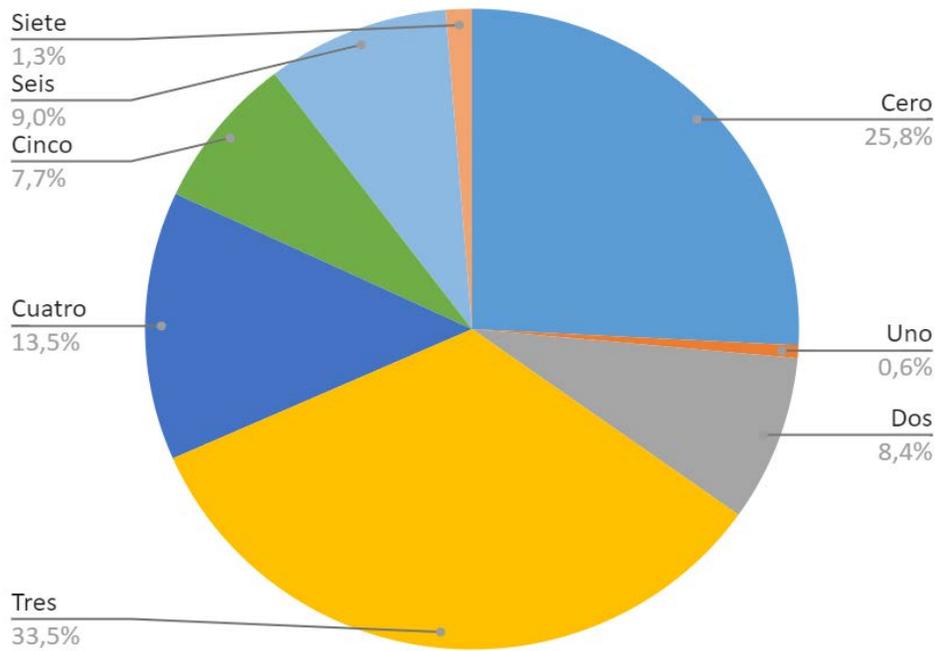


Figura 6

Porcentaje de especies de plantas en peligro de extinción de El Salvador por nivel de información genómica y biotecnológica



3.2. Plantas en amenazadas

Las 162 especies de plantas amenazadas se aglomeran en grupos de similitud variable, según su información genómica y biotecnológica (Figura 7). Se formaron 12

clusters que presentan una similaridad de 1.0 y uno que no cumple con ninguna categoría (Tabla 4). Estos clústeres abarcan 153 especies, correspondientes al 94.44% del total de plantas amenazadas.

Tabla 4

Grupos de plantas amenazadas de El Salvador con idénticas categorías genómicas y biotecnológicas

Código	Categorías	Cantidad de especies	Porcentaje
G1	NINGUNA	36	22.22
G2	OS	2	1.23
G4	CB+SP	10	6.17
G5	CB+OS	9	5.56
G6	SP+OS	2	1.23
G7	EI+RI	2	1.23
G8	CB+SP+OS	36	22.22
G9	CB+OS+MM	2	1.23
G10	CB+SP+MM	3	1.85
G11	CB+SP+OS+MM	16	9.88
G13	CB+SP+OS+MM+EI	3	1.85
G14	CB+SP+OS+EI+RI	9	5.56
G15	CB+SP+OS+MM+EI+RI	23	14.20

La categoría cumplida por la mayoría de especies de plantas amenazadas fue la de CB, con 117 especies (72.22%) En contraste, la que presentó menor cantidad fue la de GS, con apenas una especie, *Utricularia gibba* (Figura 8). El nivel de información genómica y biotecnológica disponible más común entre las especies nuevamente fue el tres, con 42

especies (25.93%), seguido por el nivel cero con 36 especies, correspondientes a un 22.22% (Figura 9). *U. gibba* es la única especie que cumple las siete categorías de información, siendo la categoría siete la que tiene menos representantes de especies amenazadas.

Figura 8

Porcentaje de especies de plantas amenazadas de El Salvador por categorías genómicas y biotecnológicas

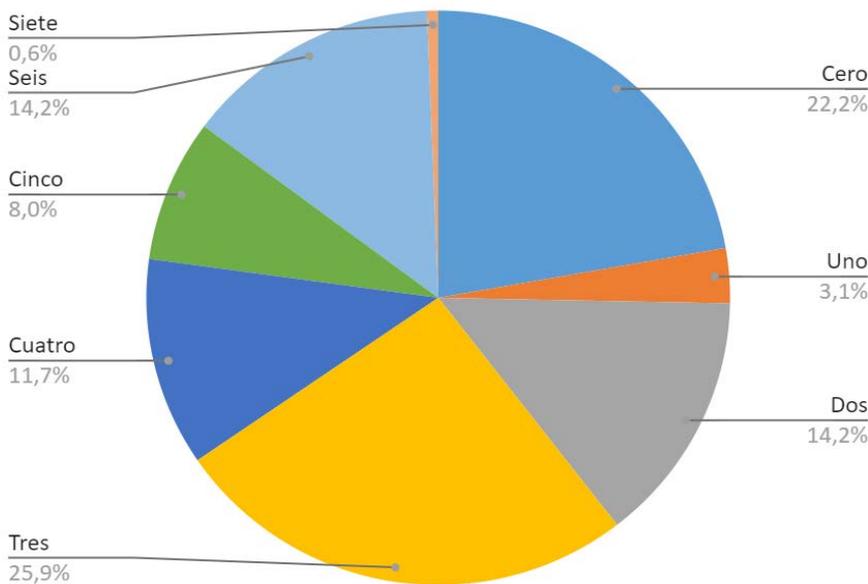
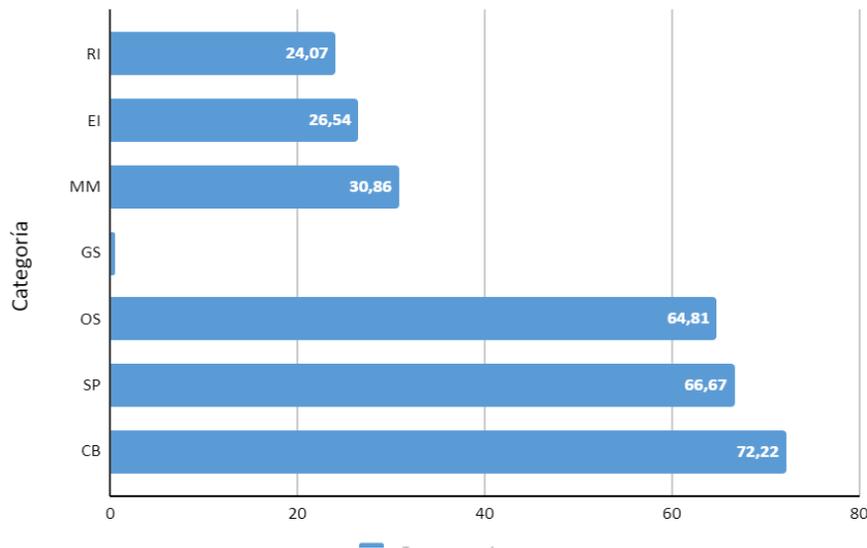


Figura 9

Porcentaje de especies de plantas amenazadas de El Salvador por nivel de información genómica y biotecnológica

4. Discusión

La presente investigación es la primera en recopilar sistemáticamente datos biotecnológicamente relevantes, correspondientes a secuencias de moléculas informativas, estudios de biodiversidad que apliquen sistemas de marcaje molecular, mecanismos de establecimiento y regeneración *in vitro*, referido a las especies de planta amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador.

Todo ello, se realizó con el fin de estimar el nivel de información biotecnológica disponible, y establecer prioridades de investigación que refuercen programas de uso, conservación, manejo técnico y mejoramiento genético de dichas especies. Los resultados reflejan un bajo nivel de información biotecnológicamente relevante, disponible en todas las categorías, para plantas amenazadas y en peligro de extinción.

Los códigos de barras genéticos son la información más variada disponible para todas las especies incluidas en este estudio, reflejando la popularidad de su uso para estudios taxonómicos (Kordrostami y Rahimi, 2015). Esto es una ventaja, ya que se puede comenzar a implementar los códigos de barras existentes en evaluaciones rápidas de la biodiversidad y ecología o dinámicas de distribución (Fišer-Pečnikar y Buzan, 2014) en estudios y estrategias de conservación para las plantas protegidas en el país.

Los genomas completos son la información menos abundante. Apenas tres especies amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador cuentan con genoma secuenciado, y con todas las categorías genómicas y biotecnológicas utilizadas en el presente estudio. Ello incluye apenas el 0.95% del total de plantas protegidas. Lo anterior es similar a lo descrito por Noreña *et al.* (2018) quienes, al buscar información de secuencias genómicas con relevancia biotecnológica, como los códigos de barra de ADN y genomas secuenciados de especies en Colombia, descubrieron que menos del 5% de especies a nivel nacional cuenta con registros de secuencias en las principales bases de datos bioinformáticas. Cabe destacar que las búsquedas realizadas en dicha investigación, incluyeron también especies no pertenecientes al reino vegetal, como hongos, protozoarios, animales y bacterias.

La poca información disponible de datos genéticos y de procedimientos precursores de micropropagación vegetal disponibles podría reflejar un bajo interés de las instituciones al desarrollo de investigaciones biotecnológicas para estos recursos fitogenéticos de las plantas amenazadas y en peligro. Esto dificulta el establecimiento de proyectos de uso, conservación, manejo técnico y mejoramiento genético en ellas. Esta característica de bajo nivel de registros públicos de secuencias genéticas concuerda con el bajo nivel de información de biodiversidad a nivel de secuencias generalizado en países latinoamericanos encontrado en las principales bases de datos bioinformáticas (Noreña *et al.*, 2018).

De momento, los principales esfuerzos de investigación biotecnológica a nivel nacional, se enfocan en optimizar procedimientos de multiplicación *in vitro* y realizar mejoramiento genético de especies comercialmente relevantes. La estrategia nacional de biodiversidad vigente (MARN, 2013) y los programas de manejo técnico por cultivo a nivel nacional, incluso para plantas previamente catalogadas como amenazadas (CENTA y Cruz, 2003), no consideran los datos genéticos de relevancia biotecnológica disponibles para las plantas amenazadas y en peligro de extinción.

5. Conclusiones

La cantidad de información disponible, con relevancia biotecnológica sobre las plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador en todas las categorías exploradas en el presente estudio es baja.

Se desconoce información con relevancia biotecnológica en todas las categorías exploradas en el presente estudio para el

23.97% de plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador.

La categoría de información genómica y biotecnológica más común disponible para las plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador, corresponde a la presencia de código de barras de ADN.

El conjunto de categorías de información genómica y biotecnológica más común disponible para las plantas amenazadas y en peligro de extinción de El Salvador, corresponde a las de códigos de barra de ADN (CB), Secuencias proteicas (SP) y otras secuencias nucleotídicas (OS).

6. Referencias

AL-QURAINY, F., KHAN, S., NADEEM, M., TARROUM, M. and AL-AMERI, A. 2014. Selection of DNA barcoding loci and phylogenetic study of a medicinal and endemic plant, *Plectranthus asirensis* J.R.I. Wood from Saudi Arabia. En: *Genetics and Molecular Research*. [En línea]. **13**(3), pp. 6184–6190. [Consultado el: 15 de junio de 2022]. Disponible en: DOI 10.4238/2014.august.7.31.

AL-QURAINY, F., KHAN, S., TARROUM, M., AL-HEMAID, F.M. and ALI, M.A. 2011. Molecular authentication of the medicinal herb *Ruta graveolens* (Rutaceae) and an adulterant using nuclear and chloroplast DNA markers. En: *Genetics and Molecular Research*. [En línea]. **10**(4), pp. 2806–2816. Consultado el: 15 de junio de 2022]. Disponible en: DOI 10.4238/2011.november.10.3.

BENSON, Dennis A., CAVANAUGH, Mark, CLARK, Karen, KARSCH-MIZRACHI, Ilene, LIPMAN, David J.,

OSTELL, James y SAYERS, Eric W. 2012. GenBank. En: *Nucleic Acids Research*. [En línea]. **41**(D1), D36–D42. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.1093/nar/gks1195.

BREED, Martin F., HARRISON, Peter A., BLYTH, Colette, BYRNE, Margaret, GAGET, Virginie, GELLIE, Nicholas J., GROOM, Scott V., HODGSON, Riley, MILLS, Jacob G., PROWSE, Thomas A., STEANE, Dorothy A., y MOHR, Jakki J. 2019. The potential of genomics for restoring ecosystems and Biodiversity. En: *Nature Reviews Genetics*. [En línea]. **20**(10), pp. 615–628. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.1038/s41576-019-0152-0.

BENSON, E. E. 1999. An introduction to plant conservation biotechnology. En: *Plant Conservation Biotechnology*. [En línea] pp. 29–36 CRC Press [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.1201/9781482273038-8.

BUDDHACHAT, Kittisak; OSATHANUNKUL, Maslin; MADESIS, Panagiotis; CHOMDEJ, Siriwadee y ONGCHAI, Siriwan. 2015. Authenticity analyses of *Phyllanthus amarus* using barcoding coupled with HRM analysis to control its quality for medicinal plant product. En: *Gene*. [En línea]. **573**(1), pp. 84–90. [Consultado: julio de 2023]. ISSN: 1879-0038 (Electronic) Disponible en: DOI 10.1016/j.gene.2015.07.046.

CBOL Plant Working Group, HOLLINGSWORTH, Peter M., FORREST, Laura L., SPOUGE, John L., HAJIBABAEI, Mehrdad, RATNASINGHAM, Sujeevan, VAN DER BANK, Michelle, CHASE, Mark W., COWAN, Robyn S., ERICKSON, David L., FAZEKAS, Aron J., GRAHAM, Sean W., JAMES, Karen E., KIM, Ki-

Joong, KRESS, W. John, SCHNEIDER, Harald, VAN ALPHENSTAHL, Jonathan, BARRETT, Spencer C.H., VAN DEN BERG, Cassio, BOGARIN, Diego, BURGESS, Kevin S., CAMERON, Kenneth M., CARINE, Mark, CHACÓN, Juliana, CLARK, Alexandra, CLARKSON, James J., CONRAD, Ferozah, DEVEY, Dion S., FORD, Caroline S., HEDDERSON, Terry A.J., HOLLINGSWORTH, Michelle L., HUSBAND, Brian C., KELLY, Laura J., KESANAKURTI, Prasad R., KIM, Jung Sung, KIM, Young-Dong, LAHAYE, Renaud, LEE, Hae-Lim, LONG, David G., MADRIÑÁN, Santiago, MAURIN, Olivier, MEUSNIER, Isabelle, NEWMASER, Steven G., PARK, Chong-Wook, PERCY, Diana M., PETERSEN, Gitte, RICHARDSON, James E., SALAZAR, Gerardo A., SAVOLAINEN, Vincent, SEBERG, Ole, WILKINSON, Michael J., YI, Dong-Keun y LITTLE, Damon P. 2009. A DNA barcode for Land Plants. En: *Proceedings of the National Academy of Sciences*. [En línea]. **106**(31), pp. 12794–12797 [Consultado: julio de 2023]. ISSN: 1091-6490 (Electronic). Disponible en: DOI 10.1073/pnas.0905845106.

CRUZ PINEDA, Eduardo. 2003. *Cultivo de la anona: Guía Técnica* [En línea] El Salvador: Centro nacional de tecnología agropecuaria y forestal (CENTA) [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: <https://www.centa.gob.sv/download/guia-tecnica-cultivo-de-anona/>

CHEN, Shilin; YAO, Hui; HAN, Jianping; LIU, Chang; SONG, Jingyuan; SHI, Linchun; ZHU, Yingjie; MA, Xinye; GAO, Ting; PANG, Xiaohui; LUO, Kun; LI, Ying; LI, Xiwen; JIA, Xiaocheng; LIN, Yulin and LEON, Christine. 2010. Validation of the ITS2 region as a novel DNA barcode for identifying medicinal plant species. En: *PLoS ONE*. [En línea]. **5**(1) [Consultado:

julio de 2023]. eISSN: 1932-6203. Disponible en: DOI 10.1371/journal.pone.0008613.

CONGER, BOB V. 2017. *Cloning agricultural plants via in vitro techniques*. CRC Press. eBook ISBN9781351070706

FENG, Shangguo; JIANG, Mengying; SHI, Yujun; JIAO, Kaili; SHEN, Chenjia; LU, Jiangjie; YING, Qicai y WANG, Huizhong. 2016. Application of the ribosomal DNA *its2* region of *Physalis* (Solanaceae): DNA barcoding and phylogenetic study. En: *Frontiers in Plant Science*. [En línea]. **7**(1047), pp. 1-11. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.3389/fpls.2016.01047.

DENG, Jiabin; LIU, Jia; AHMAD, Khawaja Shafique; DING, Chunbang; ZHANG, Li; ZHOU, Yonghong y YANG, Ruiwu. 2015. Relationships evaluation on six herbal species (*Curcuma*) by DNA barcoding. En: *Pakistan Journal of Botany*. [En línea]. **47**(3), pp. 1103–1109. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/282265611_Relationships_evaluation_on_six_herbal_species_Curcuma_by_dna_barcoding FIŠER PEČNIKAR, Živa y BUZAN, Elena V. 2013. 20 years since the introduction of DNA barcoding: From theory to application. En: *Journal of Applied Genetics*. [En línea]. **55**(1), pp. 43–52 [Consultado: julio de 2023]. ISSN: 2190-3883 (Electronic). Disponible en: DOI 10.1007/s13353-013-0180-y.

GUPTA, Varsha; SENGUPTA, Manjistha; PRAKASH, Jaya y TRIPATHY, Baishnab Charan. 2016. An introduction to biotechnology. En: *Basic and Applied Aspects of Biotechnology*. [En línea]. pp. 1–21. [Consultado: julio de 2023]. eISSN: 978-

981-10-0875-7. Disponible en:
DOI 10.1007/978-981-10-0875-7_1.

HAMMER, Ø., HARPER, D. and PAUL, D. 2001. Past: Paleontological Statistics Software Package for Education and Data Analysis. En: *Palaeontologia Electronica*. [En línea]. **4**(1), pp. 1-9 [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: http://palaeo-electronica.org/2001_1/past/issue1_01.htm.

HE, Yang; WAN, Feng; XIONG, Liang; LI, Dong-Mei y PENG, Cheng. 2014. Identification of two chemotypes of *Pogostemon Cablin* (Blanco) Benth. through DNA barcodes. En: *Zeitschrift für Naturforschung C*. [En línea]. **69**(5-6), pp. 253-258. [Consultado: julio de 2023]. eISSN: 1865-7125. Disponible en: DOI 10.5560/znc.2013-0180.

HEBERT, Paul D., CYWINSKA, Alina, BALL, Shelley L. y DEWAARD, Jeremy R. 2003. Biological identifications through DNA barcodes. En: *Proceedings of the Royal Society of London*. [En línea]. **270**(1512), pp. 313–321 [Consultado: julio de 2023]. eISSN: 1471-2954. Disponible en: DOI 10.1098/rspb.2002.2218.

HOCQUETTE, J. F. 2005. Where are we in genomics? En: *Journal of Physiology and Pharmacology*. **56**(3), pp. 37–70. ISSN: 0867-5910.

JACCARD, P. 1908. Nouvelles Recherches Sur La Distribution Florale. *Bulletin de la Société Vaudoise Des Sciences Naturelles* [En Línea]. **44**, pp. 223–270. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: <https://www.e-periodica.ch/digbib/view?pid=bsv-002:1908:44::485#248>

JAMES, C. 2004. *Global status of commercialized biotech/GM crops: 2004*. ISAAA briefs. [En Línea] (32), ISAAA:

Ithaca, NY. [Consultado: julio de 2023]. ISBN: 1-892456-36-2. Disponible en: <https://www.isaaa.org/resources/publications/briefs/32/download/isaaa-brief-32-2004.pdf>

KORDROSTAMI, M. y RAHIMI, M. 15 de septiembre 2015. Molecular Markers in Plants: Concepts and Applications. En: *Genetics in the Third Millennium*. [En Línea]. **13**, pp. 4024–4031. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: https://www.researchgate.net/publication/282954774_Molecular_markers_in_plants_Concepts_and_applications

MADESIS, P., GANOPOULOS, I., RALLI, P. y TSAFTARIS, A. 2012. Barcoding the major Mediterranean leguminous crops by combining universal chloroplast and nuclear DNA sequence targets. En: *Genetics and Molecular Research*. [En línea]. **11**(3), pp. 2548–2558. [Consultado: julio de 2023]. ISSN: e1676-5680. Disponible en: DOI 10.4238/2012.july.10.10.

MAO, Yun-Rui; ZHANG, Yong-Hua; NAKAMURA, Koh; GUAN, Bi-Cai y QIU, Ying-Xiong. 2014. Developing DNA barcodes for species identification in Podophylloideae (Berberidaceae). En: *Journal of Systematics and Evolution*. 2014. [En línea]. **52**(4), pp. 487–499. [Consultado: julio de 2023]. eISSN:1759-6831. Disponible en: DOI 10.1111/jse.12076.

MINISTERIO DE MEDIO AMBIENTE Y RECURSOS NATURALES (MARN). 2003. *Estrategia Nacional de Biodiversidad*. [En línea] [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: <http://rcc.marn.gob.sv/handle/123456789/47>

MINISTERIO DE MEDIO AMBIENTE Y RECURSOS NATURALES (MARN). 2015. *Listado Oficial de Especies de Vida Silvestre Amenazadas o en Peligro de*

Extinción. [En línea] [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: <https://cidoc.ambiente.gob.sv/documentos/li-stado-oficial-de-especies-de-vida-silvestre-amenazadas-o-en-peligro-de-extincion/> MISHRA, Priyanka; KUMAR, Amit; NAGIREDDY, Akshitha; MANI, Daya N; SHUKLA, Ashutosh K; TIWARI, Rakesh y SUNDARESAN, Velusamy. 2015. DNA barcoding: An efficient tool to overcome authentication challenges in the herbal market. En: *Plant Biotechnology Journal*. [En línea]. **14**(1), pp. 8–21 [Consultado: julio de 2023]. ISSN:1467-7652. Disponible en: DOI 10.1111/pbi.12419.

MYERS, Norman., MITTERMEIER, Russell A., MITTERMEIER, Cristina G., DA FONSECA, Gustavo A., y KENT, Jennifer. 2000. Biodiversity Hotspots for Conservation Priorities. En: *Nature* [En línea]. **403**(6772), pp. 853–858. [Consultado: julio de 2023]. ISSN 1476-4687. Disponible en: DOI 10.1038/35002501.

NOREÑA – P, Alejandra, GONZÁLEZ MUÑOZ, Andrea, MOSQUERA-RENDÓN, Jeanneth, BOTERO, Kelly y CRISTANCHO, Marco A. 2018. Colombia, an unknown genetic diversity in the era of Big Data. En: *BMC Genomics*. [En línea]. **19**(S8). P. 859. [Consultado: julio de 2023]. ISSN: 1471-2164. Disponible en: DOI 10.1186/s12864-018-5194-8. QUAN, Xu and ZHOU, Shi-Liang. Molecular identification of species in *Prunus* sect. *Pérsica* (rosaceae), with emphasis on evaluation of candidate barcodes for plants. *Journal of Systematics and Evolution*. 2011. [En línea]. **49**(2), pp. 138–145. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.1111/j.1759-6831.2010.00112.x.

RAN, Jin-Hua, WANG, Pei-Pei, ZHAO, Hui-Juan y WANG, Xiao-Quan. 2010. A test of seven candidate barcode regions from the plastome in *Picea* (Pinaceae). En: *Journal of Integrative Plant Biology*. [En línea]. **52**(12), pp. 1109–1126. [Consultado: julio de 2023]. Online ISSN:1744-7909. Disponible en: DOI 10.1111/j.1744-7909.2010.00995.x.

RATNASINGHAM, Sujeevan y HEBERT, Paul D. 2007. Bold: The Barcode of Life Data System (<http://www.barcodinglife.org>). En: *Molecular Ecology Notes* [En línea]. **7**(3), pp. 355–364. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.1111/j.1471-8286.2007.01678.x.

SEEJA, G., y SREEKUMAR, S. 2020. A review on cybrids: An Approach for Plant Improvement. En: *Crop Research*. [En línea] **55**(1 & 2), pp. 48-56 [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.31830/2454-1761.2020.011.

SINGH, J. S. 25 de marzo 2002. The biodiversity crisis: A multifaceted review. En: *Current Science*. [En línea] **82**(6), pp. 638–647. [Consultado: julio de 2023]. ISSN 00113891. Disponible en: <https://www.jstor.org/stable/24106689>

SOKAL, R., y MICHENER, D. A 1958. Statical Method for Evaluating Systematic Relationships. En: *The University of Kansas Science Bulletin*. [En línea] **28**(22), pp. 1409–1438. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: https://ia800703.us.archive.org/5/items/cbar-chive_33927_astatisticalmethodforevaluatin1902/astatisticalmethodforevaluatin1902.pdf

SUESATPANIT, Tanakorn, OSATHANUNKUL, Kitisak, MADESIS, Panagiotis y OSATHANUNKUL, Maslin. 2017. Should DNA sequence be

incorporated with other taxonomical data for routine identifying of plant species? En: *BMC Complementary and Alternative Medicine*. [En línea]. **17**(437) [Consultado: julio de 2023]. ISSN: 2662-7671 Disponible en: DOI 10.1186/s12906-017-1937-3.

SUN, Zhiying, GAO, Ting, YAO, Hui, SHI, Linchun, ZHU, Yingjie and CHEN, Shilin. 2010. Identification of *Lonicera japonica* and its related species using the DNA barcoding method. En: *Planta Medica*. [En línea]. **77**(03), pp. 301–306. [Consultado: julio de 2023]. Disponible en: DOI 10.1055/s-0030-1250324.

GBIF. The Global Biodiversity Information Facility (GBIF). [Herramienta en línea] [Consultado: julio del 2023]. Disponible en: <https://www.gbif.org/es/>

UMDALE, GAIKWAD, NikhilB, SurajD, KSHIRSAGAR, ParthrajR and LEKHAK, ManojM. 2017. Molecular authentication of the traditional medicinal plant “Lakshman Booti” (*Smithia Conferta* SM.) and its adulterants through DNA barcoding. En: *Pharmacognosy Magazine*. [En línea]. **13**(suppl 2), pp. S224–S229 [Consultado el: 24 de julio del 2023]. Disponible en: DOI 10.4103/pm.pm_499_16.

UN ENVIRONMENT. 2019. *Terminal Evaluation of Project: “Contributing to the Safe Use of Biotechnology in El Salvador*. [En línea]. Evaluation Office of UN Environment [Consultado el: 24 de julio del 2023]. Disponible en: <https://www.gefio.org/sites/default/files/documents/projects/tes/3332-terminal-evaluation.pdf>

USDA. 27 de noviembre del 2022. El Salvador: Agricultural Biotechnology Annual – El Salvador. [En línea] Attaché Report (GAIN) [Consultado el: 24 de julio del 2023]. Disponible en:

<https://fas.usda.gov/data/el-salvador-agricultural-biotechnology-annual-7>

WIECZOREK, A. 2003. Use of biotechnology in agriculture— Benefits and risks. En: *Biotechnology* [En línea], BIO3, pp. 1-3 [En línea] [Consultado: 15 de junio del 2023]. Disponible en: <https://www.ctahr.hawaii.edu/oc/freepubs/pdf/bio-3.pdf>

WILLIS, K.J. 2017. *State of the World’s Plants Report*. London (UK): Royal Botanic Gardens, Kew.

YATES, Andrew D, ALLEN, James, AMODE, Ridwan M, AZOV, Andrey G, BARBA, Matthieu, BECERRA, Andrés, BHAI, Jyothish, CAMPBELL, Lahcen I, CARBAJO MARTINEZ, Manuel, CHAKIACHVILI, Marc, CHOUGULE, Kapeel, CHRISTENSEN, Mikkel, CONTRERAS-MOREIRA, Bruno, CUZICK, Alayne, DA RIN FIORETTO, Luca, DAVIS, Paul, DE SILVA, Nishadi H, DIAMANTAKIS, Stavros, DYER, Sarah, ELSER, Justin, FILIPPI, Carla V, GALL, Astrid, GRIGORIADIS, Dionysios, GUIJARRO-CLARKE, Cristina, GUPTA, Parul, HAMMOND-KOSACK, Kim E, HOWE, Kevin L, JAISWAL, Pankaj, KAIKALA, Vinay, KUMAR, Vivek, KUMARI, Sunita, LANGRIDGE, Nick, LE, Tuan, LUYPAERT, Manuel, MASLEN, Gareth L, MAUREL, Thomas, MOORE, Benjamin, MUFFATO, Matthieu, MUSHTAQ, Aleena, NAAMATI, Guy, NAITHANI, Sushma, OLSON, Andrew, PARKER, Anne, PAULINI, Michael, PEDRO, Helder, PERRY, Emily, PREECE, Justin, QUINTON-TULLOCH, Mark, RODGERS, Faye, ROSELLO, Marc, RUFFIER, Magali, SEAGER, James, SITNIK, Vasily, SZPAK, Michal, TATE, John, TELLO-RUIZ, Marcela K, TREVANION, Stephen J, URBAN, Martin, WARE, Doreen, WEI, Sharon, WILLIAMS,

Gary, WINTERBOTTOM, Andrea, ZAROWIECKI, Magdalena, FINN, Robert D and FLICEK, Paul. 2021. Ensembl genomes 2022: An expanding genome resource for non-vertebrates. En: *Nucleic Acids Research*. [En línea]. **50**(D1) [Consultado el: 15 de junio de 2022]. Disponible en: DOI 10.1093/nar/gkab1007.

ZHANG, Wei, YUAN, Yuan, YANG, Shuo, HUANG, Jianjun and HUANG, Luqi. 2015. ITS2 secondary structure improves discrimination between medicinal “mu tong” species when using DNA barcoding. En: *PLOS ONE*. [En línea]. **10**(7), e0131185 [Consultado: 15 de junio del 2023]. Disponible en: DOI 10.1371/journal.pone.0131185

ZHU, Xunzhi, ZHANG, Yuxi, LIU, Xia, HOU, Dianyun and GAO, Ting. 2015. Authentication of commercial processed glehniae radix (beishashen) by DNA barcodes. En: *Chinese Medicine*. [En línea]. **10**(1) [Consultado: 15 de junio del 2023]. Disponible en: DOI 10.1186/s13020-015-0071-8.