

**Tendencias en investigación de marcadores moleculares en especies forestales, con énfasis en Eucalyptus: análisis bibliométrico**

**Trends in molecular marker research in forest species, with emphasis on Eucalyptus: a bibliometric analysis**

**Tendências na pesquisa de marcadores moleculares em espécies florestais, com ênfase em Eucalyptus: análise bibliométrica.**

Mercedes Carranza-Patiño  
Universidad Técnica Estatal de Quevedo  
mcarranza@uteq.edu.ec  
<https://orcid.org/0000-0002-0917-0415>



Robinson J. Herrera-Feijoo  
Universidad Técnica Estatal de Quevedo  
rherreraf2@uteq.edu.ec  
<https://orcid.org/0000-0003-3205-2350>



Anais E. Rivera-Gamarra  
Universidad Técnica Estatal de Quevedo  
ariverag@uteq.edu.ec  
<https://orcid.org/0009-0002-1224-4638>



Wilson J. Coello-Cevallos  
Universidad Técnica Estatal de Quevedo  
wcoelloc@uteq.edu.ec  
<https://orcid.org/0009-0002-3064-239X>



DOI / URL: <https://doi.org/10.55813/gaea/ccri/v4/nE2/207>

**Como citar:**

Carranza-Patiño, M., Herrera-Feijoo, R. J., Rivera-Gamarra, A. E., Coello-Cevallos, W. J. (2023). Tendencias en investigación de marcadores moleculares en especies forestales, con énfasis en Eucalyptus: análisis bibliométrico. *Código Científico Revista de Investigación*, 4(E2), 302-325.

**Recibido:** 24/07/2023

**Aceptado:** 17/08/2023

**Publicado:** 29/09/2023

### Resumen

Esta investigación explora las tendencias de investigación en marcadores moleculares en especies forestales, con un enfoque específico en el género *Eucalyptus*, el cual es de gran interés por su valor comercial y adaptabilidad a diversas condiciones ambientales. Usando análisis bibliométrico, el estudio examina patrones de colaboración en investigación, áreas de investigación activa y temas emergentes en el campo. Adicionalmente, se enfatiza la importancia de la diversidad genética en la conservación y mejoramiento genético de los recursos forestales. El estudio pretende contribuir a una mejor comprensión de la diversidad genética del eucalipto y su importancia en la conservación y mejora genética de los recursos forestales.

**Palabras clave:** Conservación, Diversidad genética, Investigación forestal, Mejora genética.

### Abstract

This study examines research trends in molecular marker research in forest species, with a particular focus on the genus *Eucalyptus*, which is of great interest for its commercial value and adaptability to diverse environmental conditions. Using bibliometric analysis, the study examines patterns of research collaboration, areas of active research and emerging issues in the field. It also highlights the importance of genetic diversity for the conservation and genetic improvement of forest resources. The study aims to contribute to a better understanding of the genetic diversity of eucalyptus and its importance for the conservation and genetic improvement of forest resources.

**Keywords:** Conservation, Genetic diversity, Forestry research, Genetic improvement

### Resumo

Esta pesquisa explora as tendências de pesquisa em marcadores moleculares em espécies florestais, com foco específico no gênero *Eucalyptus*, que é de grande interesse por seu valor comercial e adaptabilidade a diversas condições ambientais. Usando análise bibliométrica, o estudo examina padrões de colaboração em pesquisa, áreas de pesquisa ativa e questões emergentes no campo. Além disso, é enfatizada a importância da diversidade genética na conservação e no aprimoramento genético dos recursos florestais. O estudo visa a contribuir para uma melhor compreensão da diversidade genética do eucalipto e sua importância na conservação e no melhoramento genético dos recursos florestais.

**Palavras-chave:** Conservação, Diversidade genética, Pesquisa florestal, Melhoramento genético

### Introducción

En las últimas décadas, la actividad forestal a nivel mundial ha experimentado una transformación significativa, impulsada por dos fenómenos principales. Por un lado, la creciente necesidad de obtener madera para la industria ha llevado al establecimiento de plantaciones forestales. Por otro lado, se ha observado un mayor enfoque en la protección ambiental y conservación de los recursos naturales (Liévano, 2022). El eucalipto es un género botánico que abarca una amplia diversidad de plantas y especies utilizadas en plantaciones

industriales, con múltiples usos y aplicaciones rentables y sostenibles (Sumathi & Yasodha, 2014). Las especies de *Eucalyptus* son ampliamente cultivadas a nivel mundial en plantaciones forestales y se valoran como fuentes renovables para la producción de madera, papel y pasta de papel en la industria maderera (Bauhus et al., 2010). La mayoría de las plantaciones de *Eucalyptus* en todo el mundo se dedican principalmente a la producción de papel, pasta de papel y chapa de madera (Lou et al., 2023). Además, el Eucalipto se destaca por su alta productividad forestal y presenta múltiples beneficios medioambientales y medicinales (Ahlem et al., 2009).

Los programas de mejoramiento genético forestal han adoptado distintas herramientas moleculares, las cuales han sido fundamentales en su desarrollo a largo plazo. Los marcadores moleculares permiten identificar de manera directa las diferencias genéticas entre individuos, brindando una amplia cantidad de datos discretos que resultan valiosos para análisis estadísticos. Estas herramientas son especialmente adecuadas para supervisar la trazabilidad genética durante los procesos de reproducción, evaluar la diversidad genética y mejorar la precisión en las predicciones de valores de cría (Gudeta, 2018). Dentro de este ámbito, el género *Eucalyptus* se ha convertido en una especie de gran interés debido a su amplia distribución geográfica, su alto valor comercial y su capacidad para adaptarse a diferentes condiciones climáticas y de suelo (Durán et al., 2018).

La identificación de tendencias en la investigación de marcadores moleculares en especies forestales es un área de gran interés en la actualidad debido a su potencial aplicación en la mejora genética y la conservación de los recursos forestales. Los marcadores moleculares son herramientas que permiten identificar y caracterizar variaciones en el ADN, lo que los convierte en una herramienta muy útil para estudiar la variabilidad genética de las especies forestales. Los indicadores bibliométricos, como herramientas de la bibliometría, permiten analizar las regularidades presentes en la actividad científica en distintos niveles de agregación

y mejorar los procesos de investigación y evaluación científica. Según investigaciones previas realizadas por Gomez-Velasco et al. (2020), estos instrumentos son aplicables a diferentes unidades de análisis, como publicaciones, investigadores, proyectos, grupos de investigación, programas, instituciones y otros. A pesar de los avances en la investigación bibliométrica sobre marcadores moleculares en especies forestales, aún existe una necesidad de comprender mejor la diversidad genética de *Eucalyptus* y su importancia en la conservación y la mejora genética de los recursos forestales.

Estudios previos sobre bibliometría y marcadores moleculares han sido reportados por Garrido-Cardenas et al. (2018), quienes realizaron un análisis exhaustivo de la evolución histórica de los marcadores moleculares utilizados tradicionalmente en las plantas. Esta investigación también examinó cómo las nuevas herramientas moleculares han facilitado el trabajo de los mejoradores de plantas. El análisis bibliométrico permite identificar las tendencias y patrones de investigación en diferentes campos, se incluyen las áreas de investigación más activas y los temas emergentes (Patel et al., 2023). La bibliometría se emplea como un enfoque cuantitativo para analizar extensos conjuntos de literatura utilizando herramientas estadísticas. Al aplicar exhaustivamente la bibliometría a múltiples fuentes de datos, es posible obtener una comprensión detallada sobre el desarrollo y el estado actual de un área de investigación específica. Al combinar estos hallazgos con información relevante, se pueden identificar tendencias futuras en el campo, lo cual ofrece una referencia valiosa para futuras investigaciones académicas (Li et al., 2023).

El presente trabajo se ha desarrollado con el propósito de aportar una visión general de la investigación de marcadores moleculares en especies forestales, con énfasis en *Eucalyptus*. Además, se analizará la colaboración científica entre los investigadores, las instituciones y los países, lo que permitirá identificar las redes de investigación y las sinergias entre los distintos grupos de investigación. El objetivo está enfocado en contribuir al conocimiento y la

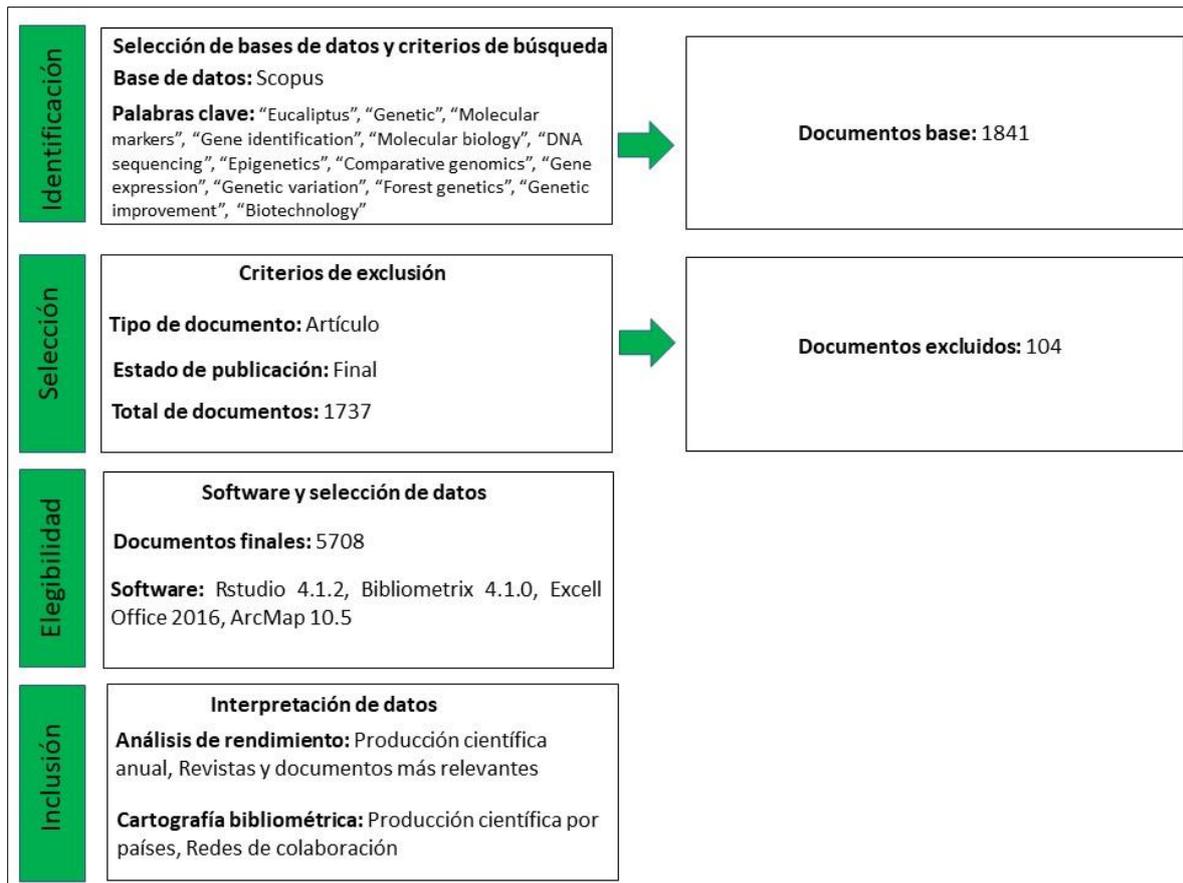
comprensión de la diversidad genética de esta especie y su importancia en la conservación y la mejora genética de los recursos forestales.

## Metodología

Se llevó a cabo un análisis bibliométrico siguiendo la metodología PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses), la cual se caracteriza por proporcionar un enfoque eficaz, eficiente y transparente en la evaluación de los documentos científicos recopilados (Page et al., 2021). En este contexto, hemos dividido este estudio en cuatro etapas con el propósito de llevar a cabo un análisis óptimo de la producción científica a nivel global (ver Figura 1): (1) selección de bases de datos y criterios de búsqueda; (2) aplicación de criterios de exclusión; (3) elección de software y recolección de datos; y (4) interpretación de los datos obtenidos.

### Figura 1.

Diagrama basado en la metodología PRISMA (Preferred Reporting Items for Systematic Reviews and Meta-Analyses), que representa las cuatro fases de la metodología de investigación bibliométrica.



### Selección de bases de datos y criterios de búsqueda

El éxito de un análisis bibliométrico se sustenta en la recopilación de información científica a partir de datos de investigación académica exhaustivos y confiables (Saltelli et al., 2008). En el ámbito académico, dos de las bases de datos científicas más ampliamente utilizadas y accesibles en las últimas décadas son Web of Science (WOS) y Scopus (Pranckutė, 2021). Scopus, establecida en 2004 bajo la supervisión de Elsevier Science, se destaca actualmente como una de las bases de datos científicas más preeminentes (J. Zhu & Liu, 2020). Su reconocimiento se basa en su capacidad para abarcar una amplia gama de disciplinas y proporcionar información científica que se puede analizar posteriormente mediante herramientas bibliométricas (Baas et al., 2020; Singh et al., 2021). A diferencia de WOS, que ofrece servicios comparables, Scopus sobresale al proporcionar una cobertura más amplia de diversas disciplinas académicas (Thelwall, 2018). Además, Scopus ofrece detalles adicionales, como la afiliación del autor, información sobre las revistas, palabras clave e índices de calidad

de la producción científica, como el Scimago Journal Rank (SJR) (Baas et al., 2020; Pranckutė, 2021). Por lo tanto, en este estudio, hemos optado por emplear Scopus para crear una base de datos que incluyera el mayor número posible de documento.

Realizamos la búsqueda y recopilación de documentos en Scopus en septiembre de 2023, utilizando información de títulos, resúmenes y palabras clave. Para realizar este proceso, utilizamos la siguiente sintaxis con la configuración de búsqueda avanzada en la base de datos científica Scopus: (TITLE (eucalyptus) AND TITLE-ABS-KEY (genetic OR "Molecular markers" OR "Gene identification" OR "Molecular biology" OR "DNA sequencing" OR "Epigenetics" OR "Comparative genomics" OR "Gene expression" OR "Genetic variation" OR "Forest genetics" OR "Genetic improvement" OR biotechnology)). La búsqueda arrojó 1841 documentos.

### **Criterios de exclusión**

Inicialmente, efectuamos una selección de documentos basada en su tipología, enfocándonos exclusivamente en aquellos documentos científicos clasificados como artículos científicos. Además, para fines de nuestro análisis, restringimos nuestra atención a documentos que ya habían superado exitosamente el proceso de revisión por pares y que habían sido publicados, es decir, documentos que ostentaban el estatus de publicación definitiva. En virtud de estos criterios, excluimos un total de 104 documentos, lo que resultó en una colección final de 1,737 documentos seleccionados para su análisis

### **Selección de software y datos**

En la presente revisión bibliográfica, se emplearon cuatro aplicaciones de software con el propósito de analizar y procesar la información científica acumulada. Estas herramientas informáticas se describen a continuación:

**RStudio 4.1.2:** Se utilizó RStudio en su versión 4.1.2, una plataforma de código abierto que se destaca por su capacidad para el análisis y procesamiento de grandes conjuntos de datos (big data). Este software facilitó la manipulación y exploración de la información recopilada.

**Bibliometrix 4.1.0:** En este estudio, se empleó el paquete Bibliometrix en su versión 4.1.0, diseñado específicamente para el entorno R (Aria & Cuccurullo, 2017). Bibliometrix es una herramienta de vanguardia que posibilita la extracción de índices bibliométricos a partir de conjuntos bibliográficos diversos obtenidos de bases de datos científicas. Su funcionalidad se extiende a la realización de análisis bibliométricos detallados, teniendo en cuenta una amplia gama de atributos presentes en artículos científicos.

**Microsoft Excel Office 16:** Microsoft Excel Office 16, una aplicación ampliamente utilizada en el análisis y la interpretación de datos, se empleó en este contexto para gestionar conjuntos extensos de datos provenientes de bases de datos científicas. Su capacidad de manejo de datos permitió una gestión eficiente de la información bibliométrica.

**ArcMap 10.5:** Para el diseño y la interpretación de datos geográficos, se recurrió a la aplicación ArcMap en su versión 10.5. Esta herramienta permitió la representación cartográfica de las contribuciones por país y la visualización de las redes de colaboración a nivel global, consolidando así la dimensión geográfica de este estudio.

Una vez que se obtuvieron los datos de la base Scopus, se procedió a exportarlos en formatos CSV y BibTex. El formato BibTex se caracteriza por incluir información bibliográfica detallada, citas, resúmenes, palabras clave y referencias. Por otro lado, el formato CSV se utilizó en una hoja de cálculo de Microsoft Excel Office 16.

## **Interpretación de datos**

### **Análisis del rendimiento**

En una primera etapa, se empleó el formato de archivo BibTex en conjunto con el paquete Bibliometrix 4.1.0, operando dentro del entorno Rstudio (Aria & Cuccurullo, 2017). Este

enfoque permitió la adquisición y manipulación de datos bibliométricos fundamentales. A continuación, se procedió a recopilar datos sobre la producción científica anual, incluyendo la cantidad de documentos publicados y las citas obtenidas por año. Adicionalmente, se llevó a cabo un análisis exhaustivo de las revistas científicas que presentaron una mayor cantidad de artículos publicados. Con el propósito de enriquecer el análisis, se tomaron en consideración diversas características de las revistas científicas, tales como el nombre de la publicación, el país de origen, la editorial correspondiente, el índice SJR (Scimago Journal Rank) para el año 2021 y su cuartil de relevancia. Subsecuentemente, se procedió a la identificación de los artículos científicos más sobresalientes de las últimas décadas relacionados con la temática en cuestión. Como resultado de este proceso, se elaboró un ranking que incluyó información detallada, como los nombres de los autores, el título del artículo, el nombre de la revista y el número de citas acumuladas por cada artículo seleccionado.

### **Cartografía Bibliométrica:**

Para llevar a cabo la cartografía bibliométrica, se recopilaron datos relativos a la producción científica a nivel de país, determinada a través del país de afiliación de cada autor, según lo revelado por el análisis realizado mediante Bibliometrix. Los datos obtenidos se sometieron a un proceso de procesamiento mediante el software ArcMap en su versión 10.5, permitiendo la creación de representaciones cartográficas geoespaciales. Con el objetivo de efectuar un análisis global, se exploraron las colaboraciones entre autores procedentes de distintos países, con el fin de determinar la frecuencia de dichas colaboraciones en el ámbito científico. La visualización de esta información se materializó a través de un mapa de red de frecuencias, implementado en la interfaz gráfica de usuario de Bibliometrix.

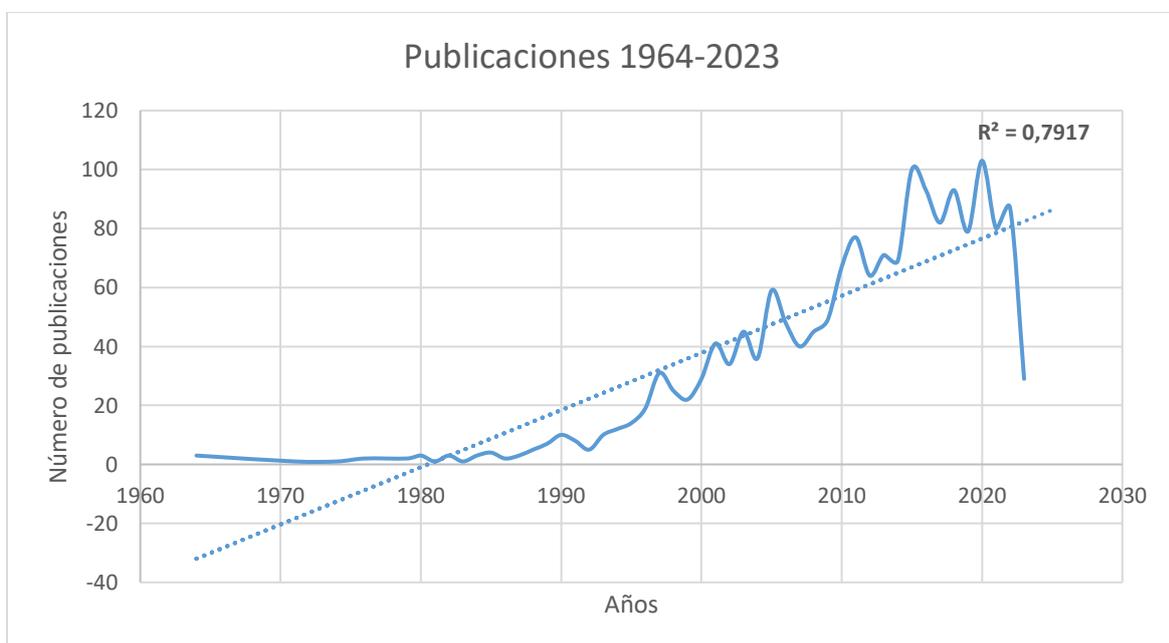
## **Resultados y discusión**

### **Evolución de la producción científica**

La búsqueda generó 1717 resultados, cuya evolución se muestra en la Figura 2. A partir de 1994 hay un aumento significativo, con sólo 86 documentos registrados en los primeros 20 años. el crecimiento ha sido consistente desde entonces, con un coeficiente de correlación de  $R^2 = 0.7917$ . El coeficiente de correlación indica una relación moderadamente fuerte entre las variables. El mayor número de publicaciones anuales sobre marcadores moleculares con énfasis en eucaliptus fue de 103 en el año 2020.

### Figura 2.

Evolución de las publicaciones desde 1964 al 2023 sobre marcadores moleculares en especies forestales, con especial énfasis en Eucalyptus. Se muestra el ajuste del modelo y el coeficiente de determinación  $R^2$ .



### Contribuciones de investigaciones en el año 2023

La producción en el año 2023 mostró 29 documentos de los cuales 13 son de acceso abierto. Resaltan los trabajos desarrollados por Candotti et al. (2023) quienes desarrollaron un panel de minería de haplotipos basado en genes para especies de Eucalyptus. Identificaron y escalonaron 195834 SNP utilizando un enfoque de escalonamiento basado en lectura para revelar haplotipos basados en SNP. El trabajo propuesto Wang et al. (2023) sobre

transformación genética mediada por *Agrobacterium* del clon *Eucalypto urophylla* × *E. grandis* DH32-29 en el sur de China, lo que permitió un poderoso enfoque para el mejoramiento genético eucalipto. El estudio desarrollado por Zhu et al. (2023) se centra en la construcción de un mapa de vínculo genético de alta densidad y la detección de loci de rasgos cuantitativos (QTL) en especies de árboles *Eucalyptus urophylla*, *E. tereticornis* y sus híbridos en el sur de China. Se pudo determinar que la identificación de un QTL estable en múltiples entornos puede ser clave para el mejoramiento práctico basado en QTL, pero se requiere más investigación para comprender las interacciones QTL-por-ambiente.

La investigación desarrollada por İlhan et al. (2023) sobre la caracterización bioinformática de la familia de genes de transcripción TCP en *Eucalyptus grandis* y su expresión génica en diferentes tejidos proporciona información novedosa sobre la distribución cromosómica, duplicaciones segmentarias, análisis filogenético y perfiles de expresión génica de esta familia de genes en el eucalipto. Además, se establecen relaciones ortólogas con *Arabidopsis thaliana* y *Vitis vinifera*. Estos hallazgos contribuyen al conocimiento en biotecnología y mejoramiento genético de *Eucalyptus grandis*. Por otra parte, Shen et al. (2023) presentaron con éxito un genoma de referencia de alta calidad de *E. urophylla* × *E. grandis* (545,75 Mb; andamio N50, 51,62 Mb) utilizando una combinación de las plataformas de secuenciación Illumina, PacBio HiFi y Hi-C. El aporte es un recurso valioso para ampliar la comprensión de la evolución del genoma de *E. urophylla* × *E. grandis*, la mejora genética y su biología comparativa.

Considerando la importancia de las afectaciones por contaminación ambiental debido a metales pesados el trabajo desarrollado por Shirazi et al. (2023) brindan una percepción precisa sobre el papel de los miRNA predichos y la presencia de SSR marcador en el genoma de *Eucalyptus* y aclarar sus funciones en la regulación de la tolerancia a metales y la selección asistida por marcadores, respectivamente. Se observó una regulación al alza de ciertos genes en respuesta a la exposición a metales pesados como el Cd<sup>2+</sup> y el Cu<sup>2+</sup>, lo que sugiere su participación en

la translocación de metales en la planta. Estos hallazgos proporcionan una mejor comprensión de la función de los genes EgMTP en la tolerancia a los metales y su potencial aplicación en la selección asistida por marcadores en *Eucalyptus grandis*.

En conjunto, estos estudios demuestran los avances significativos realizados en el año 2023 en el campo de la biotecnología enfocada en Eucalyptus, sentando las bases para futuras investigaciones y aplicaciones prácticas en el mejoramiento genético y la conservación de esta especie. Además, se destaca la utilidad de los marcadores moleculares como herramientas biotecnológicas en el estudio de la tolerancia a metales pesados, lo cual ofrece la posibilidad de seleccionar genotipos con mayor capacidad de resistencia y adaptación en condiciones de contaminación ambiental. Estos marcadores moleculares proporcionan información precisa y rápida sobre los rasgos genéticos relevantes, permitiendo estrategias más eficientes y precisas en el mejoramiento genético de Eucalyptus.

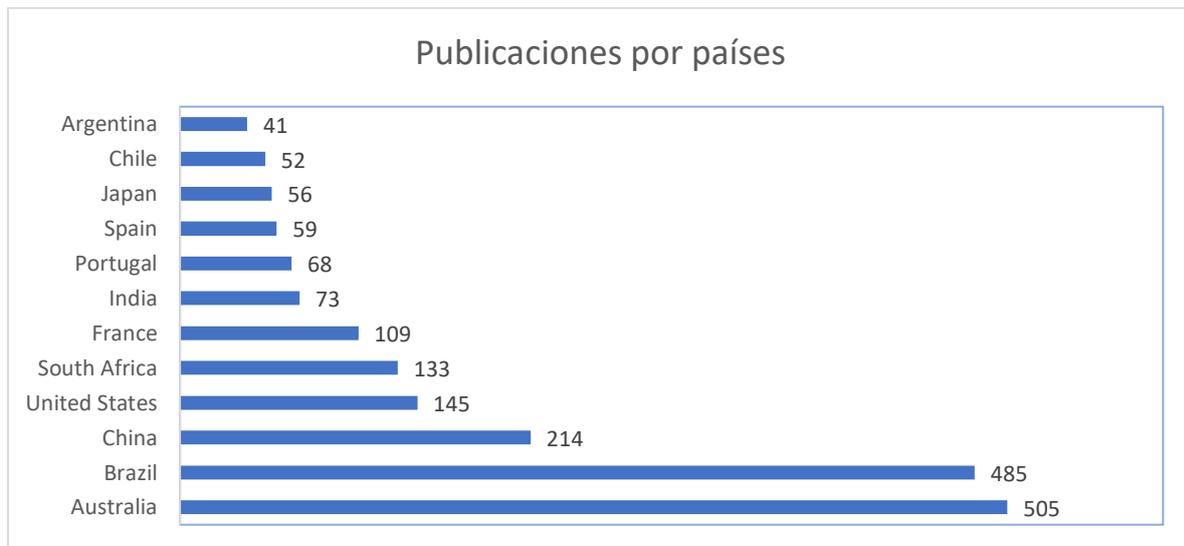
### **Distribución de publicaciones por países**

Los resultados revelan las contribuciones científicas de cada país en el área de los marcadores moleculares, lo que proporciona una visión general de las tendencias y la producción científica global Figura 3. Australia encabeza la lista con un total de 505 publicaciones en marcadores moleculares en especies forestales, consolidando su posición como líder en esta área. Brasil se ubica en segundo lugar con 485 publicaciones, demostrando una fuerte presencia y contribución significativa en el área. China ocupa el tercer lugar con 214 publicaciones, con un creciente interés y actividad en el campo de los marcadores moleculares. Estados Unidos sigue a China con 145 publicaciones, indicando una sólida participación en la investigación de marcadores moleculares en especies forestales. Sur África, Francia, India, Portugal, España, Japón, Chile y Argentina también han realizado contribuciones significativas, con una cantidad variable de publicaciones en este campo.

Estos resultados subrayan la importancia de la colaboración internacional y la diversidad geográfica en la investigación de marcadores moleculares en especies forestales. Además, resaltan la necesidad de fortalecer la cooperación y el intercambio de conocimientos entre los países para avanzar en este campo de estudio y abordar los desafíos relacionados con la conservación y manejo de los recursos forestales.

### Figura 3.

Distribución de publicaciones por países en el campo de marcadores moleculares en especies forestales.



Considerando a Australia como el mayor proponente de investigación sobre la temática una de las investigaciones con mayor relevancia es la desarrollada por Callister et al. (2022) sobre "Contabilización de la estructura de la población en las predicciones genómicas de *Eucalyptus globulus*". Esta investigación se destaca por abordar la estructura de la población en las predicciones genómicas de *Eucalyptus globulus*, lo cual es fundamental para comprender la diversidad genética y su influencia en los rasgos de interés en esta especie. Además, al tratarse de un acceso abierto, es más accesible para la comunidad científica y podría tener un impacto significativo en futuros estudios de mejoramiento genético y conservación de *Eucalyptus globulus*. También destaca Bradbury et al. (2021) en su estudio sobre "Los datos genómicos

informan la conservación de especies arbóreas raras: clonalidad, diversidad e hibridez en la serie *Eucalyptus* en un punto crítico de biodiversidad global". Esta investigación aborda la conservación de especies de árboles raras y su diversidad genómica, lo cual es de gran importancia para la conservación de la biodiversidad.

Brasil es conocido por su vasta extensión territorial y su rica diversidad biológica. El país alberga una gran variedad de especies de eucalipto, lo que brinda una oportunidad única para investigar su diversidad genética y utilizar marcadores moleculares para comprender mejor estas especies. En este contexto la investigación propuesta por Da Silva et al. (2015) enfocada en el uso de marcadores genéticos para construir una nueva generación de población reproductora de *Eucalyptus pilularis* propone en el uso de marcadores genéticos para construir una nueva generación de población reproductora de *Eucalyptus pilularis*. Otra publicación de interés es el realizado por Rossini et al. (2022) sobre "Expresión génica diferencial en clones de *Eucalyptus* en respuesta a la deficiencia de nutrientes". Este estudio utiliza técnicas de biología molecular y genética para analizar los perfiles de expresión génica en clones de *Eucalyptus* y comprender cómo responden a la deficiencia de nutrientes.

China tiene avances recientes en investigación biotecnológica con enfoque en eucalipto como "Transformación genética mediada por *Agrobacterium* del clon superior *Eucalyptus urophylla* × *E. grandis* DH32-29 más ampliamente cultivado en el sur de China" (Wang et al., 2023). El genoma de alta calidad de *E. urophylla* × *E. grandis* y la genómica comparativa brindan información sobre la evolución y la diversificación del eucalipto" (Zhu et al., 2023). A parte de estas investigaciones previamente analizadas al ser del 2023, destaca "Análisis transcriptómico y bioinformático comparativo de genes relacionados con la fotosíntesis en *Eucalyptus camaldulensis*" realizado por Zhan et al. (2022). Esta investigación se enfoca en información valiosa sobre la regulación genética de la fotosíntesis en *Eucalyptus* y pueden ser

útiles para el mejoramiento genético de esta especie y la optimización de su rendimiento fotosintético.

### Revistas con mayor número de publicaciones

La Tabla 1 presenta una lista de las principales revistas que han publicado estudios sobre marcadores moleculares en plantas, con un enfoque específico en el eucalipto, durante el período comprendido entre 1964 y 2023. El gráfico muestra únicamente aquellas revistas que han publicado al menos 26 artículos durante este período, lo que suma un total de 10 revistas. De estas revistas, tres pertenecen al Reino Unido, dos son de los Países Bajos y otras dos de Alemania. Además, Brasil, Australia y Estados Unidos tienen una revista cada uno en esta lista. En la cima de esta clasificación se destaca la revista *Silvae Genetica*, con un total de 72 documentos publicados, seguida por *Scientia Forestalis Forest Sciences* con 68 documentos, y *Tree Genetics And Genomes* con 64 documentos. Es importante mencionar que seis de las diez revistas se encuentran ubicadas en el cuartil uno de la clasificación.

**Tabla 1.** Revistas destacadas en la investigación de marcadores moleculares en especies forestales, enfocándose en *Eucalyptus*.

Revista	Editorial	País	SJR	Cuartil	Número de documentos
<i>Silvae Genetica</i>	J.D. Sauerlander	Alemania	0,26	Q3	72
<i>Scientia Forestalis Forest Sciences</i>	University of Sao Paulo	Brasil	0,22	Q3	68
<i>Tree Genetics And Genomes</i>	Springer	Alemania	0,54	Q1	64
<i>Australian Journal Of Botany</i>	CSIRO	Australia	0,36	Q2	59
<i>Forest Ecology And Management</i>	Elsevier	Países Bajos	1,18	Q1	51
<i>Australian Forestry</i>	Taylor and Francis	Reino Unido	0,43	Q2	44

New Phytologist	Wiley	Reino Unido	3,05	Q1	43
Bioresource Technology	Elsevier	Reino Unido	2,47	Q1	43
New Forests	Springer	Países Bajos	0,61	Q1	29
	Public Library of				
Plos One	Science	Estados Unidos	0,89	Q1	26

En la tabla 2 se muestra el ranking de los artículos científicos más relevantes en el campo de los marcadores moleculares en plantas, con un enfoque particular en el género *Eucalyptus*. Los artículos seleccionados han sido publicados en revistas de alto impacto y han recibido una notable cantidad de citas. En la primera posición, Grattapaglia & Sederoff (1994) destacan con su artículo titulado " Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: Mapping strategy and RAPD markers" publicado en la revista *Genetics*, el cual ha recibido 1089 citas. En el segundo lugar, Myburg et al. (2014) presentan su trabajo "The genome of *Eucalyptus grandis*" publicado en la prestigiosa revista *Nature*, el cual ha sido citado 591 veces. El tercer puesto es ocupado por Novaes et al. (2008) con su artículo "High-throughput gene and SNP discovery in *Eucalyptus grandis*, an uncharacterized genome " publicado en *BMC Genomics*, con un total de 404 citas.

Otros destacados trabajos incluyen "EgMYB2, a new transcriptional activator from *Eucalyptus* xylem, regulates secondary cell wall formation and lignin biosynthesis" publicado por Goicoechea et al. (2005) en *Plant Journal* con 289 citas. Por otra parte, también se observó contribuciones como: " Genomic selection for growth and wood quality in *Eucalyptus*: Capturing the missing heritability and accelerating breeding for complex traits in forest trees " publicado por Resende et al. (2012) en *New Phytologist* con 248 citas. Los artículos representan contribuciones significativas al campo de los marcadores moleculares en plantas,

particularmente en relación con el género *Eucalyptus*. Su amplio reconocimiento y citas indican su importancia y relevancia en el avance del conocimiento científico en esta área.

**Tabla 2.** Ranking de Artículos Científicos sobre Marcadores Moleculares en Plantas con Enfoque en *Eucalyptus*

Ranking	Autores	Título del artículo	Revista	Número de citas
1	(Grattapaglia & Sederoff, 1994)	Genetic linkage maps of <i>Eucalyptus grandis</i> and <i>Eucalyptus urophylla</i> using a pseudo-testcross: Mapping strategy and RAPD markers	Genetics	1089
2	(Myburg et al., 2014)	The genome of <i>Eucalyptus grandis</i>	Nature	591
3	(Novaes et al., 2008)	High-throughput gene and SNP discovery in <i>Eucalyptus grandis</i> , an uncharacterized genome	BMC Genomics	404
4	(Goicoechea et al., 2005)	EgMYB2, a new transcriptional activator from <i>Eucalyptus</i> xylem, regulates secondary cell wall formation and lignin biosynthesis	Plant Journal	289
5	(Resende et al., 2012)	Genomic selection for growth and wood quality in <i>Eucalyptus</i> : Capturing the missing heritability and accelerating breeding for complex traits in forest trees	New Phytologist	248
6	(Brondani et al., 1998)	Development, characterization and mapping of microsatellite markers in <i>Eucalyptus grandis</i> and <i>E. urophylla</i>	Theoretical and Applied Genetics	242
7	(MacMillan et al., 2010)	Fasciclin-like arabinogalactan proteins: Specialization for stem biomechanics and cell wall architecture in <i>Arabidopsis</i> and <i>Eucalyptus</i>	Plant Journal	223
8	(Sun et al., 2015)	Performance, kinetics, and equilibrium of methylene blue adsorption on biochar derived from eucalyptus saw dust modified with citric, tartaric, and acetic acids	Bioresource Technology	219
9	(Almeida et al., 2010)	Alterations in energy properties of eucalyptus wood and bark subjected to torrefaction: The potential of mass loss as a synthetic indicator	Bioresource Technology	215
10	(Grattapaglia et al., 2012)	Progress in Myrtaceae genetics and genomics: <i>Eucalyptus</i> as the pivotal genus	Genetics	202

El artículo con mayor número de citas reportado por Grattapaglia & Sederoff (1994) presentan los primeros mapas de ligamiento de alta cobertura informados para cualquier especie de *Eucalyptus* y uno de los primeros para cualquier especie de árbol de madera dura. Los resultados sugieren que la estrategia de mapeo pseudo-testcross/RAPD también puede ser eficiente a nivel intraespecífico y con cruces entre individuos genéticamente divergentes. Por otra parte, el segundo artículo más citado fue el publicado por Myburg et al. (2014) quienes proporcionan información genómica importante sobre los *Eucalyptus*, incluyendo su diversidad genética, evolución del genoma y características específicas de metabolitos. Además, el genoma secuenciado se convierte en una herramienta valiosa para investigaciones futuras en biología comparativa, mejoramiento genético y biotecnología de *Eucalyptus*. Por último, en tercera posición con el mayor número de citas destaca Novaes et al. (2008), los cuales brindan información importante sobre la diversidad genética, variación alélica y selección purificadora en *Eucalyptus grandis*. Además, establece una base para la anotación del genoma de esta especie y demuestra la utilidad de la secuenciación masiva de SNPs en la detección de firmas evolutivas en genes.

### **Términos relevantes usadas como palabras claves**

En la Figura 4, se aprecia la representación de una nube de 250 palabras clave, donde el número de veces que una palabra clave aparece en las publicaciones con su tamaño en la nube, se representa proporcionalmente. Los resultados del análisis bibliométrico revelan las palabras clave más utilizadas en investigaciones sobre marcadores moleculares en plantas, con un enfoque específico en el eucalipto. A continuación, se presentan los principales hallazgos: *Eucalipto*: Esta palabra clave fue la más frecuentemente mencionada, con un total de 1857 apariciones en los artículos analizados. *Silvicultura*: Se observó un alto uso de esta palabra clave, con 429 menciones, lo que indica el interés en el manejo forestal y la producción de eucalipto. *Eucalipto globulus*: Esta especie específica de eucalipto fue mencionada en 367

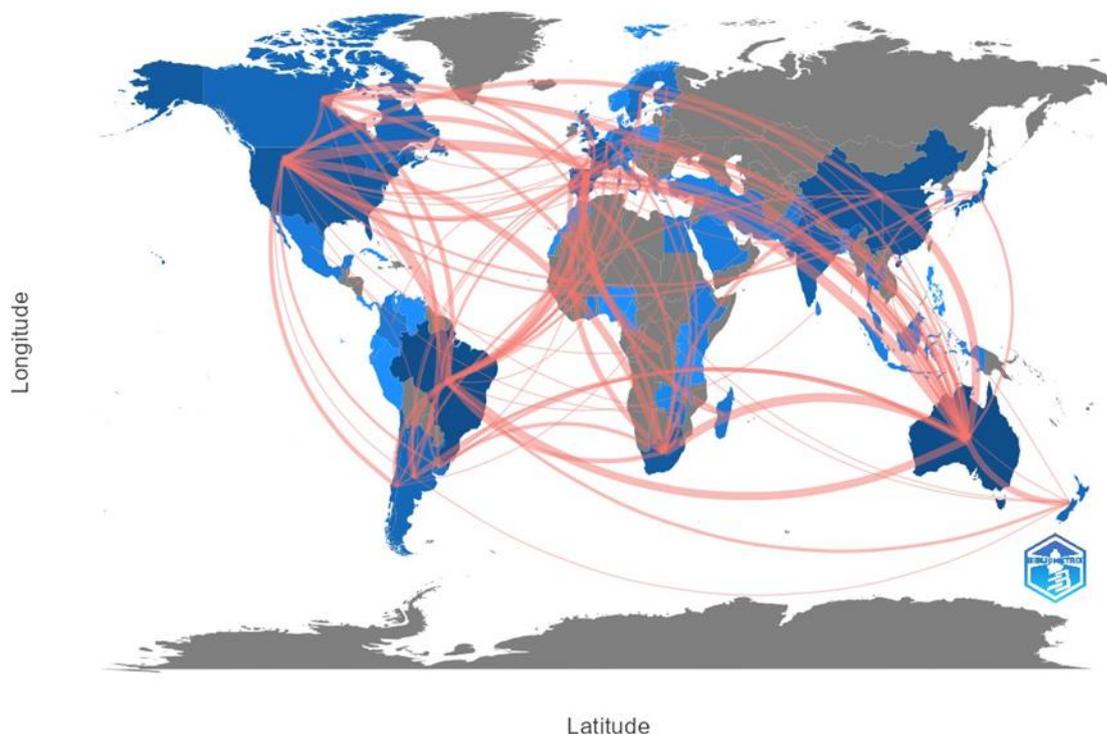
ocasiones, lo que sugiere un enfoque particular en su estudio. Eucalipto grandis: Otra especie de eucalipto destacada en la investigación, con 337 menciones, indicando su relevancia en los estudios sobre marcadores moleculares. Genética: Esta palabra clave fue ampliamente utilizada, con 307 menciones, lo que demuestra el enfoque genético en las investigaciones relacionadas con el eucalipto. Madera: Se encontraron 295 menciones de esta palabra clave, lo que resalta el interés en las propiedades y aplicaciones de la madera de eucalipto. No humano: Esta expresión se mencionó en 246 ocasiones, lo que sugiere la consideración de factores no humanos en los estudios, como el medio ambiente o la interacción con otras especies. Variación genética: La importancia de la variación genética en el eucalipto se reflejó en 212 menciones, indicando la exploración de la diversidad genética en estas investigaciones. Árbol de hoja perenne: Esta característica distintiva del eucalipto fue mencionada en 199 ocasiones, destacando su relevancia en los estudios sobre marcadores moleculares. Lignina: Se encontraron 192 menciones de esta palabra clave, lo que indica el interés en el estudio del metabolismo y la función de la lignina en el eucalipto. Los resultados reflejan las áreas de investigación más relevantes y los temas recurrentes en los estudios sobre marcadores moleculares en el eucalipto.

**Figura 4.**

Palabras clave más utilizadas en investigaciones de marcadores moleculares en plantas, con enfoque en Eucalyptus, 1964-2023.



Redes de colaboración entre países sobre marcadores moleculares en plantas con enfoque en Eucalyptus desde 1964-2023.



## Conclusión

En este estudio se observó un aumento significativo en la producción científica relacionada con marcadores moleculares en Eucalyptus a partir de 1994, con un crecimiento constante desde entonces. El año 2020 registra el mayor número de publicaciones anuales, con 103 artículos.

Por otra parte, para año 2023, se destacan varias investigaciones relevantes en el campo de los marcadores moleculares en Eucalyptus. Estos trabajos abarcan temas como la minería de haplotipos, transformación genética, construcción de mapas de vínculo genético y detección de loci de rasgos cuantitativos. También se aborda la caracterización bioinformática de genes de transcripción, la secuenciación del genoma de referencia y la regulación genética de la tolerancia a metales pesados en Eucalyptus.

En relación a las contribuciones por países, Australia lidera la lista de países con el mayor número de publicaciones en marcadores moleculares en especies forestales, seguido de Brasil, China y Estados Unidos. Otros países como Sur África, Francia, India, Portugal, España, Japón, Chile y Argentina también han realizado contribuciones significativas en este campo.

En lo que concierne a las revistas científicas, destacan *Silvae Genetica*, *Scientia Forestalis*, *Forest Sciences* y *Tree Genetics And Genomes*, que han publicado un mayor número de artículos en este campo. Estas revistas se encuentran ubicadas principalmente en el cuartil uno de la clasificación.

Finalmente, en conclusión, estudio muestra un crecimiento constante en la investigación de marcadores moleculares en *Eucalyptus*, con contribuciones significativas de varios países y revistas científicas. Estos avances proporcionan una base sólida para futuras investigaciones y aplicaciones prácticas en el mejoramiento genético y la conservación de especies forestales, los marcadores moleculares se destacan como herramientas biotecnológicas útiles para comprender y mejorar las características genéticas relevantes en *Eucalyptus*.

## Referencias bibliográficas

- Ahlem, S., Khaled, H., Wafa, M., Sofiane, B., Mohamed, D., & Jean-Claude, M. (2009). Oral administration of *Eucalyptus globulus* extract reduces the alloxan-induced oxidative stress in rats. *Chemico-Biological Interactions*, *181*(1), 71–76.
- Almeida, G., Brito, J. O., & Perré, P. (2010). Alterations in energy properties of eucalyptus wood and bark subjected to torrefaction: The potential of mass loss as a synthetic indicator. *Bioresource Technology*, *101*(24), 9778–9784. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2010.07.026>
- Aria, M., & Cuccurullo, C. (2017). bibliometrix: An R-tool for comprehensive science mapping analysis. *Journal of Informetrics*, *11*(4), 959–975.
- Baas, J., Schotten, M., Plume, A., Côté, G., & Karimi, R. (2020). Scopus as a curated, high-quality bibliometric data source for academic research in quantitative science studies. *Quantitative Science Studies*, *1*(1), 377–386.
- Bauhus, J., van der Meer, P., & Kanninen, M. (2010). *Ecosystem goods and services from plantation forests*. Routledge.
- Bradbury, D., Binks, R. M., & Byrne, M. (2021). Genomic data inform conservation of rare tree species: clonality, diversity and hybridity in *Eucalyptus* series in a global biodiversity hotspot. *Biodiversity and Conservation*, *30*(3), 619–641.
- Brondani, R. P. V., Brondani, C., Tarchini, R., & Grattapaglia, D. (1998). Development, characterization and mapping of microsatellite markers in *Eucalyptus grandis* and *E. urophylla*. *Theoretical and Applied Genetics*, *97*(5–6), 816–827. <https://doi.org/10.1007/s001220050961>
- Callister, A. N., Bermann, M., Elms, S., Bradshaw, B. P., Lourenco, D., & Brawner, J. T. (2022). Accounting for population structure in genomic predictions of *Eucalyptus globulus*. *G3*, *12*(9),

jkac180.

- Candotti, J., Christie, N., Ployet, R., Mostert-O'Neill, M. M., Reynolds, S. M., Neves, L. G., Naidoo, S., Mizrahi, E., Duong, T. A., & Myburg, A. A. (2023). Haplotype mining panel for genetic dissection and breeding in *Eucalyptus*. *The Plant Journal*, *113*(1), 174–185.
- Da Silva, A. L. L., Gollo, A. L., Brondani, G. E., Horbach, M. A., De Oliveira, L. S., Machado, M. P., De Lima, K. K. D., & Da Luz Costa, J. (2015). Micropropagation of *Eucalyptus saligna* sm. From cotyledonary nodes. *Pakistan Journal of Botany*, *47*(1), 311–318. <https://www.scopus.com/inward/record.uri?eid=2-s2.0-84923134028&partnerID=40&md5=065cbe766e9b2c4748d6423095dcab83>
- Durán, R., Zapata-Valenzuela, J., Balocchi, C., & Valenzuela, S. (2018). Efficiency of EUChip60K pipeline in fingerprinting clonal population of *Eucalyptus globulus*. *Trees*, *32*, 663–669.
- Garrido-Cardenas, J. A., Mesa-Valle, C., & Manzano-Agugliaro, F. (2018). Trends in plant research using molecular markers. *Planta*, *247*, 543–557.
- Goicoechea, M., Lacombe, E., Legay, S., Mihaljevic, S., Rech, P., Jauneau, A., Lapierre, C., Pollet, B., Verhaegen, D., Chaubet-Gigot, N., & Grima-Pettenati, J. (2005). EgMYB2, a new transcriptional activator from *Eucalyptus* xylem, regulates secondary cell wall formation and lignin biosynthesis. *Plant Journal*, *43*(4), 553–567. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2005.02480.x>
- Gomez-Velasco, N., Jimenez-Gonzalez, A., Rodriguez-Gutierrez, J., & Romero-Torres, M. (2020). Comparison of the scientific efficiency between Colombia and Mexico through relative indicators of production and scientific quality. *REVISTA ESPAÑOLA DE DOCUMENTACION CIENTIFICA*, *43*(2).
- Grattapaglia, D., & Sederoff, R. (1994). Genetic linkage maps of *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus urophylla* using a pseudo-testcross: mapping strategy and RAPD markers. *Genetics*, *137*(4), 1121–1137.
- Grattapaglia, D., Vaillancourt, R. E., Shepherd, M., Thumma, B. R., Foley, W., Külheim, C., Potts, B. M., & Myburg, A. A. (2012). Progress in Myrtaceae genetics and genomics: *Eucalyptus* as the pivotal genus. *Tree Genetics and Genomes*, *8*(3), 463–508. <https://doi.org/10.1007/s11295-012-0491-x>
- Gudeta, T. B. (2018). Molecular marker based genetic diversity in forest tree populations. *Forestry Research and Engineering: International Journal*, *2*(4), 176–182.
- İLHAN, E., KASAPOĞLU, A. G., MUSLU, S., AYGÖREN, A. S., & AYDIN, M. (2023). Genome-wide Analysis and Characterization of *Eucalyptus grandis* TCP Transcription Factors. *Journal of Agricultural Sciences*, *29*(2), 413–426.
- Li, C., Zong, Z., Qie, H., Fang, Y., & Liu, Q. (2023). CiteSpace and Bibliometric Analysis of Published Research on Forest Ecosystem Services for the Period 2018–2022. *Land*, *12*(4), 845.
- Liévano, A. D. (2022). Aplicación de herramientas moleculares en mejora genética forestal tropical. *Revista Agrotecnológica Amazónica*, *2*(2), e361–e361.
- Lou, Y., Jiang, S., Du, B., Dai, X., Wang, T., Wang, J., & Zhang, Y. (2023). Leaching morphology characteristics and environmental risk assessment of 13 hazardous trace elements from municipal solid waste incineration fly ash. *Fuel*, *346*. <https://doi.org/10.1016/j.fuel.2023.128374>
- MacMillan, C. P., Mansfield, S. D., Stachurski, Z. H., Evans, R., & Southerton, S. G. (2010). Fasciclin-like arabinogalactan proteins: Specialization for stem biomechanics and cell wall architecture in *Arabidopsis* and *Eucalyptus*. *Plant Journal*, *62*(4), 689–703. <https://doi.org/10.1111/j.1365-313X.2010.04181.x>
- Myburg, A. A., Grattapaglia, D., Tuskan, G. A., Hellsten, U., Hayes, R. D., Grimwood, J., Jenkins, J., Lindquist, E., Tice, H., & Bauer, D. (2014). The genome of *Eucalyptus grandis*. *Nature*, *510*(7505), 356–362.
- Novaes, E., Drost, D. R., Farmerie, W. G., Pappas, G. J., Grattapaglia, D., Sederoff, R. R., & Kirst, M. (2008). High-throughput gene and SNP discovery in *Eucalyptus grandis*, an uncharacterized genome. *BMC Genomics*, *9*(1), 1–14.
- Page, M. J., McKenzie, J. E., Bossuyt, P. M., Boutron, I., Hoffmann, T. C., Mulrow, C. D., Shamseer, L., Tetzlaff, J. M., Akl, E. A., & Brennan, S. E. (2021). The PRISMA 2020 statement: an updated guideline for reporting systematic reviews. *Systematic Reviews*, *10*(1), 1–11.
- Patel, A., Kethavath, A., Kushwaha, N. L., Naorem, A., Jagadale, M., Sheetal, K. R., & Renjith, P. S.

- (2023). Review of artificial intelligence and internet of things technologies in land and water management research during 1991–2021: A bibliometric analysis. *Engineering Applications of Artificial Intelligence*, 123, 106335.
- Pranckutė, R. (2021). Web of Science (WoS) and Scopus: The titans of bibliographic information in today's academic world. *Publications*, 9(1), 12.
- Resende, M. D. V., Resende Jr., M. F. R., Sansaloni, C. P., Petroli, C. D., Missiaggia, A. A., Aguiar, A. M., Abad, J. M., Takahashi, E. K., Rosado, A. M., Faria, D. A., Pappas Jr., G. J., Kilian, A., & Grattapaglia, D. (2012). Genomic selection for growth and wood quality in Eucalyptus: Capturing the missing heritability and accelerating breeding for complex traits in forest trees. *New Phytologist*, 194(1), 116–128. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2011.04038.x>
- Rossini, B. C., Bouvet, J.-M., Frouin, J., Guerrini, I. A., de Freitas, T. C. M., da Silva, M. R., Bouillet, J.-P., Laclau, J.-P., & Marino, C. L. (2022). Differential gene expression in Eucalyptus clones in response to nutrient deficiency. *Tree Genetics & Genomes*, 18(2), 14.
- Saltelli, A., Ratto, M., Andres, T., Campolongo, F., Cariboni, J., Gatelli, D., Saisana, M., & Tarantola, S. (2008). Introduction to sensitivity analysis. *Global Sensitivity Analysis. The Primer*, 1–51.
- Shen, C., Li, L., Ouyang, L., Su, M., & Guo, K. (2023). E. urophylla × E. grandis high-quality genome and comparative genomics provide insights on evolution and diversification of eucalyptus. *BMC Genomics*, 24(1), 1–10.
- Shirazi, Z., Khakdan, F., Rafiei, F., Balalami, M. Y., & Ranjbar, M. (2023). Genome-wide identification and expression profile analysis of metal tolerance protein gene family in Eucalyptus grandis under metal stresses. *BMC Plant Biology*, 23(1), 240.
- Singh, V. K., Singh, P., Karmakar, M., Leta, J., & Mayr, P. (2021). The journal coverage of Web of Science, Scopus and Dimensions: A comparative analysis. *Scientometrics*, 126(6), 5113–5142.
- Sumathi, M., & Yasodha, R. (2014). Microsatellite resources of Eucalyptus: current status and future perspectives. *Botanical Studies*, 55(1), 1–16.
- Sun, L., Chen, D., Wan, S., & Yu, Z. (2015). Performance, kinetics, and equilibrium of methylene blue adsorption on biochar derived from eucalyptus saw dust modified with citric, tartaric, and acetic acids. *Bioresource Technology*, 198, 300–308. <https://doi.org/10.1016/j.biortech.2015.09.026>
- Thelwall, M. (2018). Dimensions: A competitor to Scopus and the Web of Science? *Journal of Informetrics*, 12(2), 430–435.
- Wang, X., Chen, S., Zhang, H., Luo, P., Zhou, F., Zeng, B., Xu, J., & Fan, C. (2023). Agrobacterium-mediated genetic transformation of the most widely cultivated superior clone Eucalyptus urophylla × E. grandis DH32-29 in Southern China. *Frontiers in Plant Science*, 13. <https://doi.org/10.3389/FPLS.2022.1011245>
- Zhan, N., Huang, L., Wang, Z., Zhang, J., Xie, Y., Shang, X., Liu, G., & Wu, Z. (2022). Expression of genes encoding terpenoid biosynthesis enzymes during leaf development of Eucalyptus camaldulensis. *Biologia Plantarum*, 66, 146–154. <https://doi.org/10.32615/bp.2021.073>
- Zhu, J., & Liu, W. (2020). A tale of two databases: The use of Web of Science and Scopus in academic papers. *Scientometrics*, 123(1), 321–335.
- Zhu, X., Weng, Q., Bush, D., Zhou, C., Zhao, H., Wang, P., & Li, F. (2023). High-density genetic linkage mapping reveals low stability of QTLs across environments for economic traits in Eucalyptus. *Frontiers in Plant Science*, 13, 1099705.