

Artículo Original

Edición genética mediante CRISPR para mejorar la resistencia a enfermedades en cultivos

CRISPR gene editing to improve disease resistance in crops

Diego Hernán Tobar Pérez^{1*}  

¹*Universidad Técnica de Ambato, Ambato-Ecuador*

***Autor de correspondencia:** Diego Hernán Tobar Pérez 

Recibido: 08-03-2026

Revisado: 15-03-2026

Aceptado: 22-03-2026

Publicado: 29-03-2026

Cómo citar este artículo: Tobar Pérez, D. H. (2026). Edición genética mediante CRISPR para mejorar la resistencia a enfermedades en cultivos. *Viterra*, 4(1), 1-22. <https://viterra.diginova.pro/index.php/viterra/article/view/33>

RESUMEN

Las enfermedades causadas por hongos, bacterias y virus representan una de las principales amenazas para la productividad agrícola y la seguridad alimentaria. Frente a las limitaciones de los métodos convencionales de mejoramiento, las tecnologías de edición genética basadas en CRISPR han adquirido creciente importancia por su capacidad para generar modificaciones específicas en el genoma vegetal. El objetivo de esta revisión sistemática fue analizar la evidencia científica disponible sobre la aplicación de las tecnologías CRISPR para mejorar la resistencia a enfermedades en cultivos, identificando los principales sistemas de edición, estrategias utilizadas, genes objetivo, especies vegetales, tipos de patógenos, resultados obtenidos, limitaciones y perspectivas futuras. Se analizaron 20 publicaciones científicas relacionadas con edición genética, mejoramiento vegetal y resistencia frente a enfermedades. La información fue organizada según las tecnologías utilizadas, mecanismos de edición, cultivos estudiados, patógenos, aplicaciones y desafíos identificados. Los resultados mostraron que CRISPR/Cas9 constituye el sistema más utilizado debido a su versatilidad, eficiencia y capacidad para modificar genes específicos. Las principales estrategias comprenden la inactivación de genes de susceptibilidad, modificación de factores relacionados con las interacciones planta-patógeno y fortalecimiento de mecanismos de inmunidad vegetal. Los estudios experimentales en arroz evidenciaron mejoras en la resistencia frente a enfermedades fúngicas y bacterianas mediante modificaciones genéticas dirigidas. Sin embargo, persisten desafíos relacionados con los efectos fuera del objetivo, eficiencia de transformación, regeneración de plantas, identificación de genes adecuados y diferencias regulatorias entre países. Se concluye que las tecnologías CRISPR presentan un elevado potencial para acelerar el desarrollo de cultivos resistentes a enfermedades, aunque su aplicación sostenible requiere mejorar la precisión, fortalecer la investigación genómica y establecer marcos regulatorios adecuados.

Palabras clave: CRISPR/Cas; edición genética; resistencia a enfermedades; cultivos; mejoramiento vegetal.

ABSTRACT

Diseases caused by fungi, bacteria, and viruses represent major threats to agricultural productivity and global food security. Given the limitations of conventional breeding methods, CRISPR-based genome-editing technologies have gained increasing importance because of their ability to generate targeted modifications within plant genomes. This systematic review aimed to analyse the available scientific evidence on the application of CRISPR technologies to improve disease resistance in crops by identifying the main editing systems, strategies, target genes, plant species, pathogens, outcomes, limitations, and future perspectives. Twenty scientific publications related to genome editing, plant breeding, and disease resistance were analysed. The information was organised according to the technologies used, editing mechanisms, crops investigated, pathogens, applications, and identified challenges. The results showed that CRISPR/Cas9 is the most widely used system because of its versatility, efficiency, and ability to modify specific genes. The main strategies include the disruption of susceptibility genes, modification of factors involved in plant-pathogen interactions, and enhancement of plant immune mechanisms. Experimental studies conducted in rice

demonstrated improved resistance to fungal and bacterial diseases through targeted genetic modifications. However, several challenges remain, including off-target effects, transformation efficiency, plant regeneration, identification of suitable target genes, and regulatory differences among countries. The evidence indicates that the integration of genomic information and advanced editing tools may accelerate the development of resistant crop varieties. It is concluded that CRISPR technologies have considerable potential to transform disease-resistance breeding, although their sustainable application requires improved editing precision, strengthened functional genomics research, efficient transformation systems, and appropriate regulatory frameworks.

Keywords: CRISPR/Cas; crop improvement; disease resistance; genome editing; plant breeding.

1. INTRODUCCIÓN

Las enfermedades causadas por hongos, bacterias, virus y otros agentes fitopatógenos constituyen una de las principales amenazas para la producción agrícola y la seguridad alimentaria mundial. (Oliva et al., 2019) La aparición de nuevas enfermedades, evolución de los patógenos, intensificación de los sistemas agrícolas y variaciones ambientales incrementan la vulnerabilidad de numerosos cultivos. Frente a esta problemática, el desarrollo de variedades resistentes representa una estrategia fundamental para disminuir las pérdidas productivas y reducir la dependencia de productos químicos destinados al control fitosanitario. El mejoramiento genético convencional ha contribuido considerablemente al desarrollo de variedades con características agronómicas favorables. Sin embargo, estos procedimientos pueden requerir periodos prolongados para incorporar genes de resistencia dentro de materiales comerciales. Además, la transferencia de características mediante cruzamientos puede incorporar regiones genéticas no deseadas y dificultar la obtención de modificaciones específicas. Los avances experimentados dentro de la biología molecular y genómica proporcionaron nuevas herramientas para modificar las características de las plantas. Las tecnologías de edición genética permiten realizar modificaciones específicas dentro del genoma y presentan importantes posibilidades para acelerar los programas de mejoramiento.

Entre estas herramientas, el sistema CRISPR/Cas ha generado una importante transformación dentro de la investigación genética vegetal. Bortesi y Fischer (2015) destacaron las posibilidades de CRISPR/Cas9 para desarrollar modificaciones específicas dentro del genoma de las plantas y ampliar las aplicaciones de la ingeniería genética. La tecnología CRISPR se fundamenta en mecanismos naturales de defensa presentes en determinados microorganismos. Su adaptación como herramienta de edición genética permitió desarrollar sistemas capaces de reconocer secuencias específicas de ADN y generar modificaciones dirigidas. La relativa facilidad de diseño, eficiencia y versatilidad contribuyeron a incrementar rápidamente su utilización dentro de la investigación vegetal. Los desarrollos más recientes incluyen CRISPRa, una estrategia que activa genes endógenos sin alterar necesariamente su secuencia y amplía las opciones para descubrir y aprovechar genes de resistencia (McLaughlin et al., 2025). Arora y Narula (2017) también señalaron la importancia de CRISPR/Cas9 dentro de los programas de mejoramiento de cultivos. La capacidad para realizar modificaciones dirigidas proporciona posibilidades para desarrollar variedades con características específicas.

Jaganathan et al. (2018) destacaron la rápida evolución de las aplicaciones de CRISPR dentro del mejoramiento vegetal. La tecnología puede utilizarse para modificar genes relacionados con rendimiento, calidad, tolerancia frente a factores ambientales y resistencia a enfermedades. La resistencia a enfermedades constituye una de las aplicaciones con mayores posibilidades. Los cultivos presentan diferentes mecanismos naturales destinados a reconocer y responder frente a los patógenos. Sin embargo, determinados microorganismos pueden superar estas defensas y generar enfermedades. La identificación de genes relacionados con las interacciones entre plantas y patógenos proporciona posibilidades para desarrollar estrategias de edición. Langner et al. (2018) analizaron las aplicaciones de CRISPR para desarrollar cultivos resistentes a enfermedades. La edición genética puede utilizarse para modificar genes de susceptibilidad, fortalecer mecanismos de defensa o alterar las interacciones necesarias para el establecimiento de los patógenos. Los genes de susceptibilidad representan uno de los principales objetivos dentro de estas estrategias.

Determinados genes vegetales pueden ser utilizados por los patógenos para completar procesos relacionados con infección, colonización y desarrollo de la enfermedad. La modificación de estos genes puede disminuir la susceptibilidad sin necesidad de incorporar material genético procedente de otras especies. Borrelli et al. (2018) destacaron las posibilidades de la edición genética para desarrollar resistencia frente a diferentes enfermedades. Las estrategias pueden orientarse hacia patógenos bacterianos, fúngicos y virales. La selección de los genes objetivo constituye un componente fundamental para garantizar la eficiencia de los procedimientos. La utilización de CRISPR también permite modificar simultáneamente diferentes genes.

Esta característica presenta particular importancia dentro de las especies vegetales que presentan genomas complejos o múltiples copias de determinados genes. La edición multiplex proporciona posibilidades para generar modificaciones simultáneas y desarrollar respuestas más amplias. Chen et al. (2019) analizaron las aplicaciones de CRISPR/Cas dentro de la edición genómica y mejoramiento vegetal de precisión. Los autores destacaron la evolución de los procedimientos y las posibilidades para desarrollar cultivos con características agronómicas específicas. La edición de precisión representa una importante transformación frente a los procedimientos convencionales. Las modificaciones pueden dirigirse hacia regiones específicas del genoma.

Esta característica disminuye la necesidad de desarrollar múltiples generaciones de cruzamientos para obtener determinados caracteres. La tecnología también ha experimentado una importante diversificación. Los sistemas iniciales fundamentados principalmente en Cas9 fueron complementados con nuevas nucleasas y procedimientos. Schindele et al. (2020) analizaron las aplicaciones de CRISPR/Cas9, Cas12 y Cas13 dentro de la transformación de la biología y mejoramiento vegetal. La disponibilidad de diferentes sistemas amplía las posibilidades para modificar ADN y ARN. Cas13 presenta particular interés para determinadas estrategias relacionadas con virus de ARN.

Los avances también incluyen procedimientos de edición de bases y otras herramientas capaces de generar modificaciones específicas. Zhang et al. (2019) destacaron el potencial emergente de CRISPR dentro de las ciencias vegetales. Los autores señalaron que numerosas aplicaciones todavía requieren mayor desarrollo. La evolución tecnológica puede proporcionar nuevas posibilidades para realizar modificaciones con mayor precisión. Gao (2021) analizó la ingeniería genómica aplicada al mejoramiento de cultivos y agricultura futura. La integración entre información genómica y herramientas de edición representa una importante estrategia para desarrollar variedades capaces de responder a diferentes desafíos productivos.

La disponibilidad creciente de secuencias genómicas permite identificar genes relacionados con características específicas. Posteriormente, las tecnologías de edición pueden utilizarse para modificar estos objetivos. Esta integración presenta importantes posibilidades dentro del desarrollo de resistencia a enfermedades. Paul et al. (2021) mostraron que la edición de genomas vegetales y fúngicos mediante CRISPR/Cas9 permite intervenir distintos componentes de la interacción planta-patógeno. Su revisión reunió estrategias dirigidas tanto a genes de susceptibilidad del hospedero como a factores de virulencia del patógeno, y confirmó que la selección funcional del objetivo es decisiva para obtener una resistencia eficaz y estable.

La posterior utilización de CRISPR incrementó considerablemente las posibilidades. Wang et al. (2016) desarrollaron resistencia mejorada frente al tizón del arroz mediante mutagénesis dirigida del gen OsERF922 utilizando CRISPR/Cas9. Este estudio constituye una importante demostración experimental de las aplicaciones de la edición genética. Los resultados evidenciaron que la modificación de genes específicos puede incrementar la resistencia sin afectar necesariamente otros caracteres agronómicos. Oliva et al. (2019) también utilizaron CRISPR/Cas9 para modificar genes de susceptibilidad y mejorar la resistencia frente al tizón bacteriano del arroz. Estos estudios muestran las posibilidades para utilizar la información sobre las interacciones planta-patógeno dentro de programas de mejoramiento.

La edición genética puede generar variedades capaces de mantener características productivas favorables y presentar menor susceptibilidad. Borrelli et al. (2018) analizaron las nuevas oportunidades y desafíos relacionados con la edición genética para desarrollar resistencia a enfermedades. Los autores destacaron las posibilidades proporcionadas por CRISPR, pero también identificaron limitaciones relacionadas con eficiencia, especificidad y aplicación. La generación de modificaciones fuera del objetivo constituye una de las principales preocupaciones. Aunque las herramientas han

experimentado importantes mejoras, la identificación y disminución de los efectos off-target continúa representando una prioridad. La eficiencia de transformación constituye otro desafío.

Los procedimientos destinados a introducir los componentes de edición y regenerar plantas modificadas pueden presentar diferencias entre especies. Algunos cultivos presentan mayores dificultades para desarrollar procedimientos eficientes. Las diferencias genéticas entre variedades también pueden modificar los resultados. Por esta razón, la optimización de los protocolos constituye un componente fundamental. Park et al. (2024) analizaron los avances y perspectivas de la edición genómica vegetal para desarrollar resistencia a enfermedades. Los resultados mostraron un incremento progresivo de las aplicaciones.

Sin embargo, la transición desde los estudios experimentales hacia la utilización agrícola requiere superar diferentes limitaciones. Los marcos regulatorios constituyen otro importante componente. Las normativas relacionadas con los organismos genéticamente modificados y cultivos editados presentan diferencias entre países. Esta situación puede modificar considerablemente las posibilidades para desarrollar y comercializar nuevas variedades. Jaganathan et al. (2018) analizaron las aplicaciones de CRISPR/Cas dentro del mejoramiento genético de cultivos resistentes a enfermedades. La disponibilidad de literatura en contextos latinoamericanos evidencia la creciente importancia de estas tecnologías dentro de la investigación agrícola.

Sin embargo, las diferencias existentes en infraestructura y capacidad científica pueden modificar las posibilidades de aplicación. El acceso a laboratorios, tecnologías de secuenciación y personal especializado constituye un requisito fundamental. La transferencia de estas herramientas hacia diferentes regiones requiere inversiones y fortalecimiento de capacidades. Oliva et al. (2019) destacaron las posibilidades de la edición genómica dirigida para mejorar la resistencia. La identificación precisa de los genes objetivo representa un componente fundamental. Los avances dentro de la genómica funcional proporcionan nuevas posibilidades para comprender los mecanismos de defensa.

La combinación entre edición genética y análisis genómico puede acelerar la validación de genes. Park et al. (2024) analizaron la ingeniería de la inmunidad vegetal mediante CRISPR. Este enfoque representa una importante evolución. Las estrategias pueden superar la eliminación de genes de susceptibilidad e incorporar modificaciones destinadas a fortalecer los mecanismos naturales de defensa. La ingeniería de la inmunidad presenta posibilidades para desarrollar respuestas más amplias y duraderas. Sin embargo, las modificaciones requieren considerar las complejas relaciones existentes entre los mecanismos de defensa y desarrollo vegetal.

Una activación excesiva de las respuestas inmunológicas puede generar consecuencias negativas sobre el crecimiento. Por esta razón, la precisión constituye un componente fundamental. Park et al. (2024) analizaron los avances recientes y perspectivas futuras de las estrategias basadas en CRISPR para desarrollar resistencia a enfermedades. Los autores destacaron la rápida evolución tecnológica. Las nuevas herramientas presentan posibilidades para incrementar la precisión y ampliar los objetivos de edición. Sin embargo, continúan existiendo desafíos relacionados con aplicación, regulación y aceptación.

La evidencia científica disponible muestra que CRISPR constituye una herramienta con importantes posibilidades para transformar los programas de mejoramiento vegetal. (Borrelli et al., 2018) Sin embargo, la diversidad de tecnologías, cultivos, patógenos, genes objetivo y estrategias dificulta la integración de los resultados. Una revisión sistemática permite organizar la evidencia disponible e identificar las principales aplicaciones, tendencias y limitaciones. La síntesis de los estudios puede proporcionar información sobre las estrategias más utilizadas. También permite identificar los cultivos y enfermedades que presentan mayor representación dentro de la literatura. El análisis de los genes objetivo proporciona información sobre los mecanismos utilizados para generar resistencia.

La revisión también permite identificar los principales desafíos técnicos y regulatorios. (Borrelli et al., 2018) En este contexto, se plantea la siguiente pregunta de investigación: ¿qué evidencia científica existe sobre la aplicación de las tecnologías CRISPR para mejorar la resistencia a enfermedades en cultivos y cuáles son las principales estrategias, avances, limitaciones y perspectivas reportadas en la literatura? En correspondencia con esta pregunta, el objetivo de la presente revisión sistemática es analizar la evidencia científica disponible sobre la aplicación de las tecnologías

CRISPR para mejorar la resistencia a enfermedades en cultivos, identificando los principales sistemas de edición, genes objetivo, especies vegetales, tipos de patógenos, resultados obtenidos, limitaciones técnicas y perspectivas futuras.

2. METODOLOGÍA

La investigación se desarrolló mediante una revisión sistemática de la literatura orientada al análisis de la evidencia científica disponible sobre la aplicación de tecnologías CRISPR para mejorar la resistencia a enfermedades en cultivos. (Page et al., 2021) Este enfoque permitió identificar, organizar, comparar y sintetizar los principales sistemas de edición genética, estrategias de modificación, genes objetivo, especies vegetales, tipos de patógenos, resultados obtenidos, limitaciones técnicas y perspectivas futuras descritas en las publicaciones seleccionadas. La revisión se estructuró a partir de la siguiente pregunta de investigación: ¿qué evidencia científica existe sobre la aplicación de las tecnologías CRISPR para mejorar la resistencia a enfermedades en cultivos y cuáles son las principales estrategias, avances, limitaciones y perspectivas reportadas en la literatura? Esta interrogante permitió delimitar el proceso de identificación, selección, organización y análisis de las fuentes científicas. Para estructurar metodológicamente la revisión se consideraron diferentes componentes relacionados con la población, intervención y resultados de interés. La población estuvo constituida por cultivos agrícolas susceptibles a enfermedades causadas por hongos, bacterias y virus. La intervención correspondió a la utilización de tecnologías de edición genética, principalmente sistemas CRISPR/Cas. Los resultados de interés comprendieron las modificaciones genéticas obtenidas, incremento de la resistencia, genes objetivo, mecanismos de defensa, eficiencia de los procedimientos y limitaciones identificadas.

El corpus documental estuvo constituido por 20 publicaciones científicas relacionadas con edición genética, mejoramiento vegetal, resistencia frente a enfermedades, inmunidad vegetal y aplicaciones de las tecnologías CRISPR. La amplitud temporal comprendió el periodo 2015-2025, de acuerdo con el criterio establecido para esta revisión. Este intervalo permitió analizar la evolución desde la consolidación inicial de CRISPR/Cas9 en plantas hasta la diversificación de nucleasas, la edición de bases, la edición primaria, los sistemas multiplex y las estrategias de activación génica. Las publicaciones muestran un incremento progresivo de los estudios orientados a modificar genes de susceptibilidad, mecanismos de inmunidad y componentes involucrados en las interacciones planta-patógeno, así como un interés creciente por la precisión, la transformación vegetal y la validación agronómica.

La estrategia conceptual de búsqueda y organización de la evidencia se estructuró mediante términos relacionados con el objeto de estudio. (Page et al., 2021) Entre los principales descriptores se consideraron edición genética, CRISPR, CRISPR/Cas9, mejoramiento vegetal, resistencia a enfermedades, genes de susceptibilidad, inmunidad vegetal, fitopatógenos y cultivos agrícolas. También se consideraron los términos equivalentes en inglés: genome editing, gene editing, CRISPR, CRISPR/Cas9, crop improvement, plant breeding, disease resistance, susceptibility genes, plant immunity, plant pathogens y crops. La combinación conceptual de estos términos permitió organizar el análisis de las publicaciones y establecer las principales categorías utilizadas dentro de la revisión sistemática. Los criterios de inclusión consideraron publicaciones relacionadas con la aplicación de tecnologías de edición genética en especies vegetales; investigaciones orientadas hacia el desarrollo de resistencia frente a enfermedades; estudios sobre sistemas CRISPR/Cas; publicaciones relacionadas con genes de susceptibilidad e inmunidad vegetal; investigaciones experimentales sobre modificaciones dirigidas; y revisiones científicas destinadas a analizar los avances y perspectivas de la edición genética vegetal.

También se incluyeron publicaciones relacionadas con tecnologías anteriores a CRISPR cuando proporcionaban antecedentes relevantes sobre la modificación dirigida de genes asociados con la resistencia a enfermedades. (Page et al., 2021) Los criterios de exclusión comprendieron publicaciones centradas exclusivamente en especies animales o microorganismos; investigaciones sin relación directa con el mejoramiento vegetal; estudios orientados únicamente hacia características productivas sin considerar resistencia a enfermedades; documentos sin información relevante sobre tecnologías de edición genética; y publicaciones cuyo contenido no permitiera identificar aplicaciones, resultados o desafíos relacionados con el objeto de estudio. El proceso de revisión se desarrolló mediante diferentes etapas consecutivas. Inicialmente se realizó la identificación y organización de las 20 publicaciones incluidas dentro del corpus documental. Posteriormente se efectuó una revisión de los títulos, información bibliográfica y contenidos

principales. Este procedimiento permitió verificar la relación de las publicaciones con la pregunta y objetivo de investigación. La siguiente etapa comprendió la lectura analítica de los estudios. Durante este proceso se identificaron las tecnologías utilizadas, sistemas de edición, especies vegetales, patógenos, genes objetivo, mecanismos modificados, principales resultados, limitaciones y perspectivas futuras.

La información obtenida fue organizada mediante una matriz de extracción documental. (Page et al., 2021) Esta herramienta consideró variables relacionadas con autor y año, tipo de publicación, tecnología utilizada, cultivo estudiado, tipo de patógeno, gen o mecanismo objetivo, estrategia de edición, principales resultados y aportes científicos. La utilización de la matriz permitió sistematizar la información y facilitar las comparaciones entre las publicaciones. Posteriormente, los estudios fueron organizados según las principales categorías temáticas identificadas. La primera categoría correspondió a los fundamentos y evolución de las tecnologías de edición genética vegetal. En esta dimensión se analizaron las publicaciones relacionadas con el desarrollo de CRISPR/Cas9 y las posibilidades proporcionadas por estos sistemas dentro del mejoramiento agrícola. La segunda categoría comprendió los sistemas de edición genética.

Se analizaron las aplicaciones de CRISPR/Cas9, Cas12, Cas13 y otras herramientas relacionadas. (Page et al., 2021) La comparación permitió identificar las principales características y posibilidades de cada sistema. La tercera categoría estuvo constituida por las estrategias utilizadas para generar resistencia. Se analizaron los procedimientos destinados a inactivar genes de susceptibilidad, modificar componentes relacionados con las interacciones planta-patógeno y fortalecer mecanismos de inmunidad vegetal. La cuarta categoría correspondió a las especies vegetales estudiadas. Se identificaron los cultivos utilizados dentro de las investigaciones experimentales y revisiones.

El arroz presentó particular relevancia debido a la disponibilidad de estudios relacionados con enfermedades bacterianas y fúngicas. (Page et al., 2021) La quinta categoría estuvo relacionada con los tipos de patógenos. Se analizaron las aplicaciones destinadas a desarrollar resistencia frente a hongos, bacterias y virus. La sexta categoría correspondió a los genes y mecanismos objetivo. Se identificaron los genes modificados y las funciones relacionadas con susceptibilidad, reconocimiento de patógenos y respuestas inmunológicas. La séptima categoría comprendió los resultados obtenidos.

Se analizaron las modificaciones genéticas, cambios en resistencia y posibles consecuencias sobre otras características agronómicas. (Page et al., 2021) La octava categoría estuvo relacionada con las limitaciones técnicas. Se consideraron los efectos fuera del objetivo, eficiencia de edición, transformación, regeneración de plantas y variabilidad entre especies. La novena categoría correspondió a los desafíos regulatorios y sociales. Se analizaron las diferencias existentes en los marcos normativos y las posibles implicaciones para la aplicación de cultivos editados. La décima categoría comprendió las perspectivas futuras.

Se consideraron las posibilidades relacionadas con nuevas nucleasas, edición de bases, ingeniería de inmunidad y combinación entre información genómica y herramientas de edición. (Page et al., 2021) La información fue analizada mediante procedimientos descriptivos, comparativos y temáticos. Inicialmente se identificaron los principales hallazgos de cada publicación. Posteriormente se establecieron relaciones entre los estudios para determinar coincidencias, diferencias y tendencias. La síntesis de los resultados se desarrolló mediante un procedimiento narrativo debido a la heterogeneidad existente entre los diseños, cultivos, genes, patógenos y sistemas de edición. No se realizó un metaanálisis debido a las diferencias metodológicas presentes dentro de las publicaciones.

El análisis consideró la evolución temporal de las tecnologías. (Page et al., 2021) Las publicaciones fueron examinadas teniendo en cuenta los cambios producidos desde las primeras herramientas de edición dirigida hasta los sistemas CRISPR contemporáneos. Esta perspectiva permitió identificar una rápida diversificación de las aplicaciones. La evaluación de la calidad metodológica se abordó mediante la revisión de la claridad de los objetivos, descripción de los procedimientos, pertinencia de las tecnologías, identificación de los genes objetivo y consistencia de los resultados. Debido a la diversidad de diseños, la evaluación se desarrolló mediante criterios generales y no mediante una única herramienta específica. El análisis también consideró la aplicabilidad de las tecnologías.

Los estudios fueron examinados considerando las posibilidades para trasladar los resultados experimentales hacia programas de mejoramiento. (Page et al., 2021) La eficiencia de transformación y regeneración presentó particular importancia. La identificación de los genes objetivo también constituyó un componente fundamental. La precisión de la selección determina las posibilidades para generar resistencia sin afectar negativamente otras características. Los estudios fueron analizados considerando los efectos potenciales de las modificaciones. La posibilidad de generar efectos fuera del objetivo fue incorporada dentro de la evaluación de las limitaciones.

La integración entre genómica y edición genética constituyó otra importante categoría. (Page et al., 2021) Las publicaciones fueron examinadas considerando las posibilidades para utilizar información genómica destinada a identificar objetivos. Posteriormente, las herramientas CRISPR pueden utilizarse para validar y modificar estos genes. La información obtenida fue organizada mediante síntesis narrativas y tablas descriptivas. Las tablas fueron diseñadas para presentar las características de las publicaciones, principales tecnologías, estrategias de resistencia y desafíos. El procedimiento metodológico permitió integrar publicaciones con diferentes enfoques y diseños.

Esta característica proporcionó una perspectiva amplia sobre la evolución de CRISPR dentro del mejoramiento de la resistencia a enfermedades. (Page et al., 2021) Finalmente, la revisión permitió organizar la evidencia disponible e identificar las principales tendencias relacionadas con las aplicaciones de la edición genética. La síntesis obtenida proporcionó las bases para analizar los sistemas CRISPR, estrategias utilizadas, cultivos, patógenos, resultados, limitaciones y perspectivas futuras.

3. RESULTADOS

El análisis de las 20 publicaciones seleccionadas permitió reconocer una evolución acelerada de las tecnologías de edición genética aplicadas al mejoramiento de la resistencia a enfermedades en cultivos durante el periodo 2015-2025. La literatura pasó de la consolidación de CRISPR/Cas9 como herramienta de modificación dirigida a sistemas con mayor versatilidad, precisión y capacidad para intervenir genes vinculados con la susceptibilidad y la defensa vegetal. Las revisiones iniciales describieron las bases y oportunidades de la tecnología, mientras que los trabajos posteriores incorporaron aplicaciones experimentales, edición multiplex, edición de bases, edición primaria y activación de genes endógenos asociados con la resistencia.

Bortesi y Fischer (2015) destacaron tempranamente la versatilidad del sistema CRISPR/Cas9 en plantas. A partir de esa base, el perfeccionamiento de las secuencias guía, las nucleasas y los métodos de entrega favoreció la expansión de la edición dirigida hacia múltiples cultivos. Más recientemente, McLaughlin et al. (2025) describieron el potencial de CRISPRa para identificar y activar genes de resistencia, lo que desplaza parte del interés desde la inactivación génica hacia la regulación programada de las defensas vegetales. Esta evolución tecnológica explica que CRISPR/Cas9 continúe siendo el sistema con mayor representación, aunque acompañado por herramientas complementarias. La Tabla 1 contextualiza esta tendencia mediante las características principales de las publicaciones incluidas.

Tabla 1.

Características principales de los estudios incluidos en la revisión sistemática

Autor(es) y año	Tecnología o enfoque analizado	Principal aporte
Bortesi y Fischer (2015)	CRISPR/Cas9 en plantas	Establece fundamentos y aplicaciones tempranas de la edición genómica vegetal.
Wang et al. (2016)	CRISPR/Cas9 y OsERF922	Demuestra mayor resistencia al tizón del arroz mediante mutagénesis dirigida.
Arora y Narula (2017)	CRISPR/Cas9	Examina las aplicaciones del sistema en el mejoramiento de cultivos.
Shimatani et al. (2017)	Edición de bases	Desarrolla edición dirigida de bases en arroz y tomate.
Zong et al. (2017)	Edición de bases	Logra cambios precisos en arroz, trigo y maíz.

Autor(es) y año	Tecnología o enfoque analizado	Principal aporte
Borrelli et al. (2018)	CRISPR/Cas9 y resistencia	Sintetiza estrategias para fortalecer la resistencia vegetal a enfermedades.
Hamada et al. (2018)	Entrega biolística transitoria	Presenta edición in planta en trigo mediante expresión transitoria de CRISPR/Cas9.
Jaganathan et al. (2018)	CRISPR y mejoramiento	Revisa avances y aplicaciones de CRISPR en cultivos.
Langner et al. (2018)	Edición para resistencia	Analiza genes de susceptibilidad y otras rutas para obtener cultivos resistentes.
Chen et al. (2019)	Mejoramiento de precisión	Integra CRISPR/Cas con programas de mejoramiento vegetal de precisión.
Oliva et al. (2019)	Edición de promotores SWEET	Obtiene resistencia de amplio espectro al tizón bacteriano del arroz.
Zhang et al. (2019)	Nuevas aplicaciones CRISPR	Examina el potencial emergente de CRISPR en ciencias vegetales.
Lin et al. (2020)	Edición primaria	Demuestra prime editing en arroz y trigo.
Schindele et al. (2020)	Diseño de ARN guía	Proporciona criterios para aumentar la eficiencia y especificidad de la edición.
Gao (2021)	Ingeniería genómica	Analiza su contribución al mejoramiento de cultivos y la agricultura futura.
Paul et al. (2021)	Edición vegetal y fúngica	Integra la edición del hospedero y del patógeno para mejorar la resistencia.
Page et al. (2021)	PRISMA 2020	Aporta la guía metodológica para el reporte transparente de la revisión.
Pan et al. (2022)	CRISPR-Combo	Combina edición y activación génica en un sistema versátil.
Park et al. (2024)	Genes diana para resistencia	Revisa avances en la identificación de objetivos para plantas resistentes.
McLaughlin et al. (2025)	CRISPRa	Propone activar genes endógenos para descubrir y utilizar nuevas fuentes de resistencia.

Nota. Elaboración propia a partir de las publicaciones incluidas en la revisión sistemática.

A partir de esta predominancia inicial de Cas9, los resultados revelaron una diversificación gradual de los sistemas CRISPR. Schindele et al. (2020) señalaron que Cas9 conserva una elevada capacidad para generar cambios dirigidos en el ADN, pero que Cas12 incorpora modalidades distintas de reconocimiento y corte, mientras Cas13 extiende la edición hacia el ARN. Esta ampliación permite seleccionar la herramienta de acuerdo con el patógeno, el gen objetivo y el mecanismo de resistencia; en particular, los sistemas dirigidos al ARN abren oportunidades frente a determinadas enfermedades virales.

Junto con la diversificación de nucleasas, la búsqueda de mayor precisión impulsó tecnologías capaces de producir cambios más delimitados. Zhang et al. (2019) describieron este avance como parte del potencial emergente de CRISPR en las ciencias vegetales, y Gao (2021) lo vinculó con una ingeniería genómica orientada al mejoramiento agrícola. La

edición de bases ilustra esa transición porque permite sustituir nucleótidos específicos y, con ello, reducir alteraciones innecesarias y algunos riesgos asociados con modificaciones menos selectivas.

Esta evolución tecnológica adquiere sentido cuando se integra con la información genómica disponible. La secuenciación y la genómica funcional permiten localizar genes relacionados con resistencia o susceptibilidad; después, CRISPR facilita su validación y modificación dirigida (Langner et al., 2018). Dentro de este proceso, la inactivación de genes de susceptibilidad apareció como una de las estrategias más frecuentes, pues impide que los patógenos aprovechen funciones vegetales necesarias para establecer la infección. De este modo, la intervención no se limita a introducir un cambio molecular, sino que altera de forma intencional la interacción planta-patógeno. Langner et al. (2018) y Borrelli et al. (2018) coincidieron en que este enfoque puede aplicarse frente a distintos tipos de patógenos. La Tabla 2 sintetiza las tecnologías y estrategias identificadas.

Tabla 2.

Principales tecnologías y estrategias de edición genética utilizadas para desarrollar resistencia a enfermedades

Tecnología o estrategia	Características principales	Aplicación en la resistencia a enfermedades
TALEN	Utiliza nucleasas diseñadas para reconocer y modificar secuencias específicas del ADN.	Permite modificar genes asociados con la susceptibilidad y generar cultivos con mayor resistencia.
CRISPR/Cas9	Sistema de edición genética dirigido mediante ARN guía para realizar modificaciones específicas en el ADN.	Facilita la inactivación o modificación de genes relacionados con susceptibilidad y mecanismos de defensa vegetal.
CRISPR/Cas12	Sistema de edición con características diferentes de reconocimiento y corte del ADN.	Amplía las posibilidades para modificar regiones genómicas relacionadas con la resistencia a enfermedades.
CRISPR/Cas13	Tecnología dirigida principalmente hacia moléculas de ARN.	Presenta posibilidades para desarrollar estrategias de resistencia frente a determinados patógenos, especialmente virus de ARN.
Inactivación de genes de susceptibilidad	Eliminación o modificación de genes utilizados por los patógenos durante el proceso de infección.	Disminuye la capacidad de los microorganismos para colonizar los tejidos vegetales y desarrollar enfermedades.
Modificación de interacciones planta-patógeno	Edición de componentes moleculares involucrados en el reconocimiento, infección y desarrollo de enfermedades.	Permite alterar los mecanismos utilizados por los patógenos para establecerse dentro de las plantas.
Ingeniería de la inmunidad vegetal	Modificación dirigida de genes y mecanismos relacionados con las respuestas naturales de defensa.	Contribuye al fortalecimiento de la capacidad de las plantas para reconocer y responder frente a los patógenos.
Edición multiplex	Modificación simultánea de diferentes genes mediante múltiples secuencias guía.	Permite desarrollar resistencia frente a diferentes patógenos o modificar varios mecanismos de susceptibilidad.
Edición de bases	Modificación precisa de nucleótidos específicos sin generar necesariamente rupturas de doble cadena en el ADN.	Facilita la generación de modificaciones específicas relacionadas con genes de resistencia o susceptibilidad.

Tecnología o estrategia	Características principales	Aplicación en la resistencia a enfermedades
Integración de genómica y edición genética	Utilización de información genómica y funcional para identificar genes objetivo y posteriormente modificarlos.	Acelera la identificación, validación y modificación de genes relacionados con la resistencia a enfermedades.

Nota. Elaboración propia. La síntesis identifica la estrategia de edición, el cultivo y el tipo de resistencia evaluada.

La síntesis de estrategias encontró respaldo en estudios experimentales que mostraron resultados concretos. Wang et al. (2016) editaron mediante CRISPR/Cas9 el gen OsERF922 en arroz y obtuvieron plantas con mayor resistencia al tizón, lo que confirmó la utilidad de intervenir un gen asociado con la susceptibilidad. En continuidad con ese hallazgo, Oliva et al. (2019) modificaron genes de susceptibilidad para mejorar la resistencia del arroz al tizón bacteriano. Considerados en conjunto, ambos estudios evidencian que una misma lógica de edición puede adaptarse a enfermedades causadas por patógenos diferentes.

La importancia de estos resultados trasciende los casos particulares, porque la resistencia a enfermedades responde a pérdidas productivas que afectan múltiples cultivos. Arora y Narula (2017) situaron CRISPR/Cas9 entre las herramientas con aplicaciones agronómicas amplias, y Jaganathan et al. (2018) destacaron la rapidez con que se extendió dentro del mejoramiento vegetal. No obstante, esa expansión no ha sido uniforme: la eficiencia varía entre especies y genotipos, principalmente por las dificultades para introducir los componentes de edición y regenerar plantas completas (Hamada et al., 2018). Por ello, la disponibilidad de protocolos específicos determina en gran medida si el potencial molecular puede traducirse en materiales viables.

Frente a esa limitación, el mejoramiento de precisión propone ajustar el procedimiento a cada cultivo y aprovechar modalidades como la edición multiplex. Chen et al. (2019) explicaron que la modificación simultánea de varios genes puede acortar el desarrollo de características favorables y resultar especialmente útil en plantas con genomas complejos. Además, al combinar objetivos relacionados con distintos mecanismos, esta estrategia podría ampliar o hacer más duradera la resistencia. Sin embargo, el aumento del número de secuencias guía también eleva la complejidad del diseño y exige una evaluación más rigurosa de posibles efectos fuera del objetivo (Zhang et al., 2019). La Tabla 3 relaciona estos enfoques con los principales cultivos, genes, patógenos y resultados encontrados.

Tabla 3.

Principales cultivos, genes objetivo, patógenos y resultados identificados

Cultivo o grupo vegetal	Gen o mecanismo objetivo	Patógeno o enfermedad	Principales resultados
Arroz	Genes de susceptibilidad	Enfermedades bacterianas	La edición dirigida permitió reducir la susceptibilidad de las plantas y mejorar la resistencia frente a la infección.
Arroz	OsERF922	Hongo causante del tizón del arroz	La mutagénesis mediante CRISPR/Cas9 incrementó la resistencia de las plantas frente a la enfermedad.
Arroz	Genes relacionados con susceptibilidad bacteriana	Tizón bacteriano	La modificación mediante CRISPR/Cas9 mejoró la resistencia de las plantas frente al patógeno.

Cultivo o grupo vegetal	Gen o mecanismo objetivo	Patógeno o enfermedad	Principales resultados
Cultivos agrícolas	Genes de susceptibilidad	Hongos, bacterias y virus	La inactivación de genes utilizados por los patógenos durante la infección disminuyó la susceptibilidad vegetal.
Cultivos agrícolas	Genes relacionados con las interacciones planta-patógeno	Diferentes agentes fitopatógenos	La modificación de componentes moleculares involucrados en la infección permitió alterar el establecimiento y desarrollo de enfermedades.
Cultivos agrícolas	Genes y mecanismos de inmunidad vegetal	Hongos y bacterias	La edición genética presentó posibilidades para fortalecer las respuestas naturales de defensa frente a los patógenos.
Plantas con genomas complejos	Múltiples genes objetivo	Diferentes enfermedades	La edición multiplex permitió modificar simultáneamente diferentes genes relacionados con susceptibilidad y resistencia.
Cultivos susceptibles a enfermedades virales	Moléculas de ARN y componentes relacionados con la infección	Virus, especialmente virus de ARN	Los sistemas CRISPR/Cas13 mostraron posibilidades para desarrollar estrategias dirigidas contra agentes virales.
Diferentes especies vegetales	Nucleótidos específicos de genes relacionados con resistencia	Diversos patógenos	La edición de bases permitió realizar modificaciones genéticas específicas con mayor precisión.
Cultivos de importancia agrícola	Genes identificados mediante estudios genómicos y funcionales	Hongos, bacterias y virus	La integración entre genómica y CRISPR facilitó la identificación, validación y modificación de genes relacionados con la resistencia.

Nota. Elaboración propia a partir del análisis comparativo de las aplicaciones de CRISPR descritas en la literatura. Además de inactivar genes de susceptibilidad, la evidencia mostró una orientación creciente hacia la ingeniería de la inmunidad vegetal. Park et al. (2024) describieron el uso de CRISPR para intervenir los mecanismos naturales de defensa y fortalecer las respuestas frente a patógenos. Este enfoque amplía el repertorio de estrategias, aunque introduce una condición decisiva: la planta debe conservar el equilibrio entre defensa y crecimiento. Una activación excesiva de la inmunidad puede perjudicar el desarrollo, por lo que la selección del objetivo y la precisión de la modificación resultan esenciales.

En ese contexto, la genómica funcional actúa como puente entre el conocimiento de la respuesta inmune y la edición. Oliva et al. (2019) mostraron que la identificación de genes relevantes permite diseñar intervenciones dirigidas, mientras Park et al. (2024) señalaron que CRISPR también sirve para validar experimentalmente esos objetivos. Así, la tecnología no solo produce plantas modificadas, sino que acelera la comprobación de funciones génicas y la selección de mecanismos con potencial para incorporarse a programas de mejoramiento.

Sin embargo, el avance desde la identificación del objetivo hasta la obtención de una planta estable conserva obstáculos técnicos. Las secuencias guía pueden reconocer regiones semejantes y ocasionar cambios no deseados, aunque la optimización del diseño y el empleo de nuevas nucleasas pueden reducir ese riesgo (Hamada et al., 2018). A ello se suma que no todas las células editadas originan plantas viables y que los procesos de regeneración pueden incrementar el tiempo y el costo. Por consiguiente, la eficiencia final depende tanto de la precisión molecular como de la capacidad del sistema de transformación.

La complejidad biológica agrega otra exigencia a este proceso. Un mismo gen puede participar en varias rutas, de manera que su modificación podría mejorar la resistencia y, al mismo tiempo, alterar otras funciones. Borrelli et al. (2018) advirtieron que las plantas editadas deben evaluarse durante varias generaciones para comprobar la estabilidad del cambio, y Jaganathan et al. (2018) subrayaron la necesidad de verificar que la resistencia no reduzca el rendimiento ni otras características agronómicas. En consecuencia, la caracterización funcional y la evaluación integral son etapas complementarias, no procedimientos independientes.

Estas demandas también condicionan la posibilidad de ampliar la tecnología a diferentes regiones. La identificación de objetivos, la secuenciación de los materiales y la comprobación de los resultados requieren laboratorios, equipos y personal especializado (Borrelli et al., 2018). La falta de esas capacidades puede limitar la transferencia de CRISPR incluso cuando existe un objetivo biológico prometedor. La Tabla 4 organiza estas restricciones en dimensiones técnicas, agronómicas y regulatorias.

Tabla 4.

Principales limitaciones y desafíos de la aplicación de CRISPR en cultivos

Limitación o desafío	Características principales	Implicaciones para la aplicación
Efectos fuera del objetivo	Las secuencias guía pueden reconocer regiones genómicas similares a la secuencia objetivo.	Puede generar modificaciones genéticas no deseadas y requiere procedimientos de detección y validación.
Eficiencia de edición	La capacidad para generar modificaciones puede variar entre especies, variedades y genes objetivo.	Dificulta la estandarización de los protocolos y requiere optimizar los procedimientos para cada cultivo.
Transformación vegetal	La introducción de los componentes CRISPR dentro de las células vegetales puede presentar dificultades técnicas.	Limita la aplicación de la tecnología en especies con sistemas de transformación poco eficientes.
Regeneración de plantas	Algunas especies y genotipos presentan dificultades para regenerar plantas completas después de la edición.	Puede incrementar el tiempo, complejidad y costos de los procedimientos experimentales.
Identificación de genes objetivo	Las interacciones planta-patógeno involucran redes genéticas y mecanismos moleculares complejos.	Una selección inadecuada puede disminuir la eficiencia de la resistencia o generar efectos no deseados.
Efectos sobre características agronómicas	Algunos genes relacionados con la susceptibilidad también participan en procesos de crecimiento y desarrollo.	Las modificaciones pueden afectar negativamente el rendimiento, calidad u otras características productivas.

Limitación o desafío	Características principales	Implicaciones para la aplicación
Estabilidad de las modificaciones	Los caracteres obtenidos deben mantenerse durante las generaciones posteriores.	Requiere realizar evaluaciones genéticas y fenotípicas para comprobar la estabilidad de la resistencia.
Evolución de los patógenos	Los microorganismos pueden desarrollar mecanismos capaces de superar determinadas formas de resistencia.	Exige desarrollar estrategias múltiples y mecanismos de resistencia más duraderos.
Diferencias regulatorias	Los marcos normativos aplicados a los cultivos editados varían entre países.	Puede dificultar la investigación, aprobación y comercialización de nuevas variedades.
Infraestructura y capacidad científica	La aplicación de CRISPR requiere laboratorios, tecnologías moleculares y personal especializado.	Puede limitar el acceso y utilización de estas herramientas en países o instituciones con menores recursos científicos.

Nota. Elaboración propia. Los desafíos se organizaron según sus dimensiones técnicas, agronómicas y regulatorias.

A las limitaciones técnicas se añaden diferencias regulatorias que influyen directamente en el desarrollo y la comercialización de variedades. Algunos países distinguen los cultivos editados de los organismos transgénicos cuando la modificación no incorpora ADN foráneo, mientras otros aplican procedimientos semejantes a ambos productos (Chen et al., 2019). Esta diversidad normativa genera incertidumbre y puede modificar los tiempos, costos y posibilidades de transferencia de una innovación desde el laboratorio hacia el campo.

La regulación se relaciona, a su vez, con la aceptación social. Aunque la edición genética difiere de la transgénesis convencional en el tipo de modificación que puede producir, esa distinción no siempre resulta clara para los consumidores. Por ello, la comunicación transparente de los objetivos, procedimientos y evidencias de seguridad forma parte del proceso de adopción. Esta necesidad cobra mayor relevancia ante la rápida aparición de herramientas como la edición de bases y otros sistemas de precisión, cuya valoración pública debe apoyarse en resultados verificables y no únicamente en su novedad tecnológica (Park et al., 2024; Zong et al., 2017).

Dentro del corpus analizado, el arroz concentró una parte importante de la evidencia experimental, probablemente por su relevancia alimentaria, la disponibilidad de recursos genómicos y la existencia de protocolos consolidados. Los trabajos sobre OsERF922 y sobre genes asociados con el tizón bacteriano mostraron resultados favorables en esta especie (Wang et al., 2016; Oliva et al., 2019). Sin embargo, esta concentración también revela una brecha: trasladar los avances a otros cultivos exige adaptar la transformación y la regeneración a sus características particulares, además de diseñar guías compatibles con la variación genética entre variedades (Zhang et al., 2019).

La adaptación a cada cultivo debe considerar también la capacidad evolutiva de los patógenos. Una resistencia basada en un solo mecanismo puede perder eficacia cuando las poblaciones patogénicas cambian; por ello, la edición multiplex ofrece la posibilidad de combinar objetivos y construir respuestas más duraderas. Schindele et al. (2020) señalaron que esta modalidad amplía el alcance de CRISPR, aunque incrementa la complejidad del procedimiento. El beneficio esperado depende, entonces, de comprender previamente las interacciones planta-patógeno y de seleccionar combinaciones que no produzcan efectos agronómicos indeseados.

De esta relación se desprende una secuencia de trabajo integrada: la genómica funcional identifica genes candidatos, CRISPR permite modificarlos, la evaluación experimental determina la eficacia del cambio y los programas de mejoramiento incorporan las características comprobadas en variedades comerciales. Chen et al. (2019) presentaron esta articulación como una base del mejoramiento vegetal de precisión, mientras Gao (2021) la vinculó con la agricultura futura. Su aporte potencial incluye cultivos más resistentes y una posible reducción del uso de determinados productos fitosanitarios, siempre que los cambios se evalúen dentro de sistemas agrícolas sostenibles. La sostenibilidad exige observar la resistencia más allá de las condiciones controladas. Los materiales editados deben probarse frente a distintas poblaciones del patógeno, ambientes y prácticas de manejo, pues la respuesta obtenida en

laboratorio puede variar en el campo. Asimismo, deben examinarse el rendimiento, la calidad y las posibles interacciones con otros organismos (Zaidi et al., 2018; Chen et al., 2019). En este sentido, la combinación de resistencia genética y manejo integrado ofrece una vía más sólida que el uso de CRISPR como solución aislada.

En conjunto, los resultados describen una trayectoria que avanza desde el predominio de CRISPR/Cas9 hacia herramientas más diversas y precisas. La inactivación de genes de susceptibilidad continúa siendo la estrategia con mayor presencia, pero la modificación de las interacciones planta-patógeno, la ingeniería de la inmunidad, Cas12, Cas13 y la edición multiplex amplían las alternativas disponibles (Langner et al., 2018; Schindele et al., 2020). Aun así, la transformación, la regeneración, los efectos fuera del objetivo y la selección de genes adecuados siguen condicionando la eficacia de las aplicaciones.

Finalmente, la evidencia indica que el potencial de CRISPR no depende únicamente de la capacidad para producir una modificación, sino de la articulación entre conocimiento genómico, diseño bioinformático, validación biológica, evaluación agronómica y regulación. Zhang et al. (2019) destacaron que las nuevas herramientas ampliarán la precisión y los tipos de intervención, mientras Chen et al. (2019) advirtieron la necesidad de comprobar la estabilidad y el desempeño de los materiales obtenidos. Por tanto, la contribución de esta tecnología al desarrollo de cultivos resistentes será mayor cuando cada avance molecular se integre en estrategias científicas, productivas y regulatorias coherentes.

4. DISCUSIÓN

Los resultados de la presente revisión sistemática evidencian que las tecnologías CRISPR/Cas han transformado las estrategias utilizadas para desarrollar cultivos resistentes a enfermedades. La evidencia muestra una evolución desde las aplicaciones iniciales de modificación dirigida hacia sistemas con mayor versatilidad, precisión y capacidad para intervenir genes relacionados con la susceptibilidad, las interacciones planta-patógeno y la inmunidad vegetal. Bortesi y Fischer (2015) destacaron la relativa facilidad para diseñar los componentes necesarios y realizar modificaciones dirigidas, mientras que McLaughlin et al. (2025) ampliaron esta perspectiva al mostrar que la activación programada de genes endógenos puede apoyar el descubrimiento y aprovechamiento de nuevas fuentes de resistencia. En conjunto, los resultados confirman que la resistencia a enfermedades constituye una de las aplicaciones de mayor potencial para la edición genómica vegetal.

Las enfermedades generadas por hongos, bacterias y virus producen importantes pérdidas dentro de los sistemas agrícolas. El desarrollo de variedades resistentes representa una estrategia capaz de disminuir la vulnerabilidad de los cultivos. Los procedimientos convencionales de mejoramiento han contribuido considerablemente al desarrollo de resistencia. Sin embargo, pueden requerir múltiples generaciones de cruzamientos. La edición genética proporciona posibilidades para modificar directamente genes específicos dentro de variedades con características agronómicas favorables. Chen et al. (2019) destacaron las posibilidades de CRISPR/Cas para desarrollar mejoramiento vegetal de precisión. Esta perspectiva representa una importante transformación. La disponibilidad de información genómica permite identificar genes relacionados con diferentes características. Posteriormente, las herramientas de edición pueden utilizarse para modificar estos objetivos.

Los resultados mostraron que CRISPR/Cas9 constituye el sistema con mayor representación dentro de las publicaciones analizadas. Esta predominancia puede encontrarse relacionada con la disponibilidad de protocolos y elevada utilización dentro de la investigación. Sin embargo, la evidencia también mostró una diversificación progresiva de las herramientas. Schindele et al. (2020) analizaron las aplicaciones de Cas9, Cas12 y Cas13. La disponibilidad de diferentes sistemas amplía considerablemente las posibilidades. Cas9 continúa constituyendo una herramienta fundamental para realizar modificaciones dentro del ADN.

Cas12 presenta características diferentes de reconocimiento y corte. (Schindele et al., 2020) Cas13 amplía las aplicaciones hacia moléculas de ARN. Esta última característica presenta particular importancia para desarrollar estrategias relacionadas con determinados virus vegetales. La diversificación tecnológica permite seleccionar herramientas adaptadas a los objetivos. Sin embargo, también incrementa la complejidad de los procedimientos. La selección del sistema requiere considerar las características del cultivo, gen y patógeno.

Zhang et al. (2019) destacaron el potencial emergente de CRISPR dentro de las ciencias vegetales. Los avances experimentados durante los últimos años proporcionan posibilidades para realizar modificaciones más específicas. La edición de bases constituye uno de los principales ejemplos. Estos procedimientos pueden modificar nucleótidos determinados sin requerir necesariamente las mismas rupturas utilizadas dentro de otros sistemas. Esta característica presenta posibilidades para incrementar la precisión. Gao (2021) destacó la importancia de la ingeniería genómica dentro del mejoramiento de cultivos y agricultura futura.

La integración entre genómica y edición genética constituye una de las principales tendencias identificadas. (Langner et al., 2018) La secuenciación y análisis funcional proporcionan información sobre los genes. Posteriormente, CRISPR permite modificar estos objetivos. Esta relación presenta importantes posibilidades para acelerar los programas. Los resultados mostraron que la inactivación de genes de susceptibilidad constituye una de las principales estrategias. Los patógenos pueden utilizar determinados componentes vegetales para desarrollar la infección.

La modificación de estos genes puede disminuir la susceptibilidad. Langner et al. (2018) destacaron las posibilidades para desarrollar cultivos resistentes mediante edición genética. La modificación de genes de susceptibilidad representa una estrategia particularmente relevante. A diferencia de los procedimientos destinados a incorporar genes externos, la inactivación puede generar resistencia mediante cambios dentro del propio genoma. Borrelli et al. (2018) también analizaron las aplicaciones de la edición genética para desarrollar resistencia. La evidencia muestra posibilidades frente a hongos, bacterias y virus.

Sin embargo, la eficiencia depende considerablemente de la identificación de los objetivos. (Langner et al., 2018) Las interacciones planta-patógeno presentan una elevada complejidad. Un mismo gen puede participar dentro de diferentes procesos. Esta característica genera importantes desafíos. La modificación destinada a disminuir la susceptibilidad puede producir efectos sobre crecimiento o desarrollo. Por esta razón, la caracterización funcional constituye una etapa fundamental.

Los resultados experimentales obtenidos en arroz proporcionaron importante evidencia. Wang et al. (2016) utilizaron CRISPR/Cas9 para modificar el gen OsERF922. Los resultados mostraron un incremento de la resistencia frente al tizón del arroz. Este estudio representa una demostración de las posibilidades para desarrollar características favorables mediante mutagénesis dirigida. La relevancia de estos resultados se encuentra relacionada con la capacidad para modificar un gen específico. La evaluación de las plantas permitió identificar cambios en resistencia.

Oliva et al. (2019) también utilizaron CRISPR/Cas9 para modificar genes de susceptibilidad y mejorar la resistencia del arroz frente al tizón bacteriano. Estos resultados muestran que la estrategia puede aplicarse frente a diferentes tipos de enfermedades. La disponibilidad de estudios experimentales constituye un componente fundamental. Las revisiones proporcionan perspectivas amplias. Sin embargo, la evidencia experimental permite demostrar la eficiencia de las tecnologías. Los resultados mostraron que el arroz presenta una elevada representación dentro de las investigaciones.

Esta situación puede encontrarse relacionada con la importancia agrícola y disponibilidad de información genómica. La existencia de protocolos de transformación también facilita las aplicaciones. Sin embargo, la concentración de estudios dentro de determinadas especies constituye una limitación. La expansión hacia otros cultivos requiere desarrollar procedimientos eficientes. Jaganathan et al. (2018) destacaron el rápido crecimiento de las aplicaciones de CRISPR. La eficiencia de los procedimientos puede variar entre especies.

Esta situación representa uno de los principales desafíos. (Hamada et al., 2018) La transformación vegetal constituye una etapa fundamental. Los componentes necesarios para desarrollar la edición deben introducirse dentro de las células. Posteriormente, las plantas deben regenerarse. Algunas especies presentan dificultades. Las diferencias entre genotipos también pueden modificar los resultados.

Una variedad puede presentar procedimientos eficientes mientras otra puede mostrar mayores limitaciones. Esta situación evidencia la necesidad de desarrollar protocolos adaptados. La edición multiplex representa otra importante estrategia. Chen et al. (2019) destacaron las posibilidades para realizar modificaciones simultáneas. La capacidad para

modificar diferentes genes presenta particular importancia dentro de especies con genomas complejos. También puede utilizarse para desarrollar resistencia más amplia.

La modificación de diferentes mecanismos puede disminuir las posibilidades de que un patógeno supere la resistencia. (Schindele et al., 2020) Sin embargo, el incremento del número de objetivos genera mayores desafíos. Las secuencias guía deben diseñarse cuidadosamente. Los posibles efectos fuera del objetivo requieren evaluación. La edición multiplex también puede incrementar las posibilidades de generar interacciones no esperadas. Por esta razón, los resultados requieren análisis detallados.

La ingeniería de la inmunidad vegetal representa una de las perspectivas más recientes. Park et al. (2024) analizaron las posibilidades de utilizar CRISPR para modificar los mecanismos naturales de defensa. Esta estrategia amplía los enfoques centrados exclusivamente en la eliminación de genes de susceptibilidad. Las respuestas inmunológicas pueden fortalecerse. Sin embargo, los mecanismos de defensa mantienen relaciones con crecimiento y desarrollo. Las plantas requieren distribuir recursos entre diferentes procesos.

Una activación excesiva de la inmunidad puede generar consecuencias negativas. Por esta razón, las modificaciones deben mantener un equilibrio. La edición precisa presenta posibilidades para modificar componentes específicos sin alterar completamente determinadas funciones. Oliva et al. (2019) destacaron la importancia de la edición dirigida. La identificación de objetivos adecuados constituye uno de los principales requisitos. Los avances dentro de la genómica funcional proporcionan nuevas posibilidades.

La utilización de procedimientos de secuenciación y análisis permite identificar genes relacionados con las respuestas frente a patógenos. (Borrelli et al., 2018) CRISPR puede utilizarse para validar estos objetivos. Esta integración presenta una elevada importancia. Los programas tradicionales requieren periodos prolongados para confirmar determinadas funciones. La edición dirigida puede acelerar los procedimientos. Sin embargo, los resultados requieren validación bajo diferentes condiciones.

La resistencia observada dentro de laboratorios puede presentar diferencias frente al campo. Los cultivos se encuentran expuestos a múltiples factores ambientales. Las temperaturas, disponibilidad de agua y condiciones del suelo pueden modificar las respuestas. También pueden encontrarse diferentes poblaciones de patógenos. Por esta razón, la evaluación experimental debe incorporar condiciones diversas. Park et al. (2024) destacaron los avances y perspectivas de la edición genómica para desarrollar resistencia.

La evidencia analizada muestra un elevado potencial. (Zhang et al., 2019) Sin embargo, también confirma la presencia de importantes limitaciones. Los efectos fuera del objetivo constituyen uno de los principales desafíos. Las secuencias guía pueden reconocer regiones similares dentro del genoma. Esta situación puede generar modificaciones no deseadas. Los avances tecnológicos proporcionan posibilidades para disminuir estos riesgos.

El diseño bioinformático constituye una herramienta fundamental. (Zhang et al., 2019) La selección adecuada de las secuencias puede incrementar la especificidad. La utilización de nucleasas modificadas también proporciona posibilidades. Sin embargo, la evaluación de los resultados continúa siendo necesaria. La secuenciación permite identificar posibles modificaciones. La precisión constituye un componente fundamental para garantizar la seguridad y estabilidad.

Borrelli et al. (2018) destacaron las oportunidades y desafíos de la edición genética aplicada a la resistencia. Los resultados deben analizarse considerando diferentes generaciones. La estabilidad de las modificaciones representa un requisito. Las características deben mantenerse. También resulta necesario analizar los posibles efectos sobre rendimiento y calidad. El desarrollo de resistencia no debe producir consecuencias negativas capaces de disminuir el valor agronómico.

Esta situación evidencia la necesidad de utilizar evaluaciones integrales. (Chen et al., 2019) La resistencia constituye una característica importante. Sin embargo, las variedades comerciales requieren mantener productividad, calidad y adaptación. La integración de CRISPR dentro de programas de mejoramiento puede contribuir a alcanzar estos objetivos. Las modificaciones pueden desarrollarse dentro de variedades previamente seleccionadas. Esta característica puede disminuir el tiempo requerido para obtener materiales comerciales.

Sin embargo, los procedimientos regulatorios pueden modificar considerablemente las posibilidades de aplicación. (Chen et al., 2019) Los resultados mostraron diferencias entre los marcos normativos. Los cultivos editados pueden recibir diferentes clasificaciones. Algunos países establecen distinciones entre organismos transgénicos y productos obtenidos mediante determinadas formas de edición. Otros aplican procedimientos similares. Esta diversidad genera incertidumbre.

Las instituciones y empresas requieren conocer los requisitos. La armonización internacional representa un importante desafío. Sin embargo, las diferencias entre perspectivas regulatorias dificultan este proceso. Jaganathan et al. (2018) destacaron las aplicaciones de CRISPR dentro del mejoramiento de cultivos resistentes. La expansión de estas tecnologías hacia diferentes regiones requiere considerar las capacidades científicas. La infraestructura constituye un componente fundamental.

Los procedimientos requieren laboratorios y equipos. (Chen et al., 2019) La disponibilidad de tecnologías de secuenciación presenta importancia. El personal especializado también constituye un requisito. Estas condiciones pueden generar diferencias entre países e instituciones. La democratización de las tecnologías representa una importante perspectiva. La disminución de costos puede ampliar el acceso.

Sin embargo, la formación de investigadores continúa siendo fundamental. (Chen et al., 2019) Los programas de cooperación científica pueden contribuir a fortalecer capacidades. La aplicación de CRISPR dentro de cultivos regionales presenta importantes posibilidades. Numerosas especies de importancia local reciben menor atención dentro de los programas internacionales. La disponibilidad de tecnologías de edición puede proporcionar nuevas estrategias. Sin embargo, la limitada información genómica puede dificultar la identificación de objetivos.

Por esta razón, la inversión dentro de secuenciación y caracterización constituye una prioridad. (Borrelli et al., 2018) Los resultados también mostraron la importancia de considerar la evolución de los patógenos. Los microorganismos presentan capacidad para adaptarse. La resistencia fundamentada en un único mecanismo puede perder eficiencia. Esta situación ha sido ampliamente observada dentro de diferentes sistemas agrícolas. La edición genética no elimina este desafío.

Sin embargo, proporciona posibilidades para desarrollar estrategias más complejas. (Borrelli et al., 2018) La modificación simultánea de diferentes genes puede contribuir a generar resistencia más duradera. La combinación de mecanismos también presenta posibilidades. Sin embargo, estas estrategias requieren comprender las interacciones. La resistencia genética debe integrarse dentro del manejo de enfermedades. La utilización de variedades resistentes constituye una estrategia.

Las prácticas agrícolas también presentan importancia. (Chen et al., 2019) El manejo integrado puede disminuir la presión sobre los mecanismos de resistencia. Esta perspectiva contribuye a incrementar la sostenibilidad. La utilización de CRISPR no debe considerarse una solución aislada. Su integración con otras estrategias presenta mayores posibilidades. La revisión mostró que las tecnologías pueden contribuir a disminuir la dependencia de determinados productos fitosanitarios.

Los cultivos resistentes requieren menos intervenciones frente a determinadas enfermedades. (Borrelli et al., 2018) Esta característica puede proporcionar beneficios económicos y ambientales. Sin embargo, los resultados deben evaluarse cuidadosamente. Las enfermedades pueden encontrarse relacionadas con diferentes patógenos. La resistencia frente a uno no garantiza protección frente a otros. Los sistemas agrícolas requieren estrategias amplias. Park et al. (2024) destacaron los avances recientes y perspectivas futuras de las estrategias basadas en CRISPR. La rápida evolución tecnológica probablemente continuará ampliando las aplicaciones. Las nuevas herramientas proporcionan posibilidades para realizar modificaciones con mayor precisión. La edición de bases representa una de ellas. Otros sistemas también pueden generar modificaciones específicas. La combinación con herramientas bioinformáticas presenta importantes posibilidades.

Los algoritmos pueden contribuir a identificar genes y diseñar secuencias guía. (Chen et al., 2019) Sin embargo, la información generada requiere validación experimental. La inteligencia artificial puede contribuir a analizar grandes

cantidades de datos genómicos. Esta integración representa una perspectiva futura. Sin embargo, las decisiones biológicas continúan requiriendo evidencia. La experimentación mantiene una función fundamental.

La revisión también permitió identificar limitaciones metodológicas dentro de la evidencia. (Borrelli et al., 2018) El corpus documental estuvo constituido por 20 publicaciones. Por esta razón, los resultados no representan necesariamente la totalidad de la literatura científica disponible. La diversidad de diseños, cultivos, patógenos y tecnologías dificultó las comparaciones cuantitativas. No se realizó un metaanálisis. La síntesis narrativa permitió integrar diferentes perspectivas.

Sin embargo, la heterogeneidad debe considerarse dentro de la interpretación. (Chen et al., 2019) La presencia de revisiones científicas junto con estudios experimentales proporciona una perspectiva amplia. Sin embargo, también genera diferencias dentro del nivel de evidencia. Los estudios experimentales presentan resultados específicos. Las revisiones integran información procedente de múltiples investigaciones. Por esta razón, los hallazgos deben interpretarse considerando las características de las fuentes.

A pesar de estas limitaciones, la revisión permitió identificar tendencias claras. (Langner et al., 2018) CRISPR/Cas9 constituye la principal tecnología. La inactivación de genes de susceptibilidad representa una estrategia ampliamente utilizada. La modificación de las interacciones planta-patógeno presenta importantes posibilidades. La ingeniería de la inmunidad constituye una perspectiva emergente. La diversificación hacia Cas12 y Cas13 amplía las aplicaciones.

La edición multiplex proporciona posibilidades para modificar diferentes objetivos. (Schindele et al., 2020) La integración entre genómica y edición genética constituye una tendencia fundamental. Los desafíos relacionados con transformación y regeneración continúan limitando determinadas especies. Los efectos fuera del objetivo requieren evaluación. La identificación de genes adecuados constituye un componente fundamental. Las diferencias regulatorias pueden modificar la aplicación.

La infraestructura y capacidad científica también generan desafíos. (Hamada et al., 2018) En conjunto, la evidencia muestra que CRISPR presenta un elevado potencial para transformar el mejoramiento de cultivos resistentes a enfermedades. Sin embargo, su eficiencia depende de diferentes componentes. La tecnología requiere información genómica. Los objetivos deben identificarse correctamente. Los procedimientos de transformación necesitan ser eficientes.

Las plantas editadas deben regenerarse. (Gao, 2021) Los resultados requieren validación. Las características deben mantener estabilidad. Los posibles efectos sobre otras variables agronómicas deben evaluarse. La aplicación comercial requiere marcos regulatorios adecuados. La aceptación social también presenta importancia.

Esta complejidad evidencia que CRISPR constituye una herramienta dentro de un sistema amplio. (Borrelli et al., 2018) Su integración con genómica, fitopatología, mejoramiento vegetal y agronomía presenta mayores posibilidades. Finalmente, los resultados de la revisión sistemática muestran que el futuro de la resistencia genética a enfermedades se encuentra relacionado con el desarrollo de procedimientos cada vez más precisos. La identificación de nuevos genes proporcionará objetivos. Las nuevas herramientas ampliarán los tipos de modificaciones. La integración con bioinformática facilitará el diseño.

Los sistemas de transformación continuarán mejorando. (Hamada et al., 2018) Sin embargo, el desarrollo tecnológico debe acompañarse de evaluaciones rigurosas. La sostenibilidad requiere considerar las consecuencias productivas y ambientales. Los cultivos editados deben proporcionar beneficios demostrables. La resistencia debe mantenerse frente a la evolución de los patógenos. Los programas deben integrar diferentes estrategias.

De esta manera, CRISPR puede contribuir efectivamente al desarrollo de sistemas agrícolas más resistentes, productivos y sostenibles. (Chen et al., 2019)

5. CONCLUSIÓN

La revisión sistemática confirmó que la edición genética mediante CRISPR constituye una herramienta estratégica para desarrollar cultivos con mayor resistencia frente a enfermedades. El sistema CRISPR/Cas9 fue el más utilizado por su relativa sencillez, versatilidad y capacidad para generar modificaciones dirigidas; sin embargo, la expansión hacia

Cas12, Cas13, edición multiplex, edición de bases y edición prime amplía las posibilidades de intervenir genes, promotores y secuencias reguladoras con distintos niveles de precisión.

La inactivación de genes de susceptibilidad representó una de las estrategias más consistentes para reducir la capacidad de infección de patógenos bacterianos, fúngicos y virales. La modificación de promotores reconocidos por efectores, la alteración de factores requeridos durante la colonización y la ingeniería de componentes de la inmunidad vegetal demostraron que la resistencia puede construirse mediante diferentes rutas. La eficacia de estas intervenciones depende de que la modificación no produzca penalizaciones sobre el crecimiento, rendimiento, calidad o adaptación del cultivo.

Las aplicaciones en arroz, trigo, tomate y otras especies evidenciaron que CRISPR puede generar resistencia específica y, en determinados casos, de amplio espectro. No obstante, los resultados obtenidos bajo condiciones controladas requieren validación agronómica y fitopatológica durante varias generaciones y en ambientes productivos diversos. La estabilidad heredable de las modificaciones, la respuesta frente a distintas poblaciones del patógeno y el mantenimiento del rendimiento constituyen criterios indispensables antes de recomendar la incorporación de una línea editada a programas de mejoramiento.

Los principales desafíos técnicos estuvieron relacionados con la transformación y regeneración de plantas, la identificación de genes diana, los efectos fuera del objetivo, la eficiencia variable entre genotipos y la entrega de los componentes de edición. Estas limitaciones son especialmente relevantes en cultivos recalcitrantes o con información genómica insuficiente. El progreso futuro requiere fortalecer los sistemas de transformación, mejorar los algoritmos de diseño, ampliar la caracterización funcional de genes y aplicar métodos de secuenciación capaces de confirmar la precisión y estabilidad de las modificaciones.

La regulación y la aceptación social también condicionan la transferencia de CRISPR hacia la agricultura. La consideración regulatoria puede variar según la presencia de ADN foráneo, el tipo de modificación y la legislación de cada país. Por ello, la evaluación debe integrar bioseguridad, trazabilidad, posibles efectos ambientales, propiedad intelectual y comunicación pública transparente. El acceso desigual a infraestructura, personal especializado y recursos de secuenciación puede ampliar las diferencias entre instituciones y regiones, por lo que la cooperación científica y la formación técnica constituyen prioridades.

Se concluye que CRISPR puede acelerar el mejoramiento de cultivos resistentes a enfermedades cuando se integra con genómica, fitopatología, bioinformática, transformación vegetal y evaluación agronómica. Su aporte no se limita a generar mutaciones, sino que permite probar funciones génicas y diseñar respuestas de resistencia con mayor precisión. El aprovechamiento responsable de esta tecnología exige investigación multidisciplinaria, validación experimental rigurosa, conservación de características productivas favorables y marcos regulatorios proporcionales que permitan convertir la innovación molecular en soluciones agrícolas estables, accesibles y sostenibles.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Arora, L., & Narula, A. (2017). Gene editing and crop improvement using CRISPR-Cas9 system. *Frontiers in Plant Science*, 8, 1932. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.01932>
- Borrelli, V. M. G., Brambilla, V., Rogowsky, P., Marocco, A., & Lanubile, A. (2018). The enhancement of plant disease resistance using CRISPR/Cas9 technology. *Frontiers in Plant Science*, 9, 1245. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.01245>
- Bortesi, L., & Fischer, R. (2015). The CRISPR/Cas9 system for plant genome editing and beyond. *Biotechnology Advances*, 33(1), 41-52. <https://doi.org/10.1016/j.biotechadv.2014.12.006>
- Chen, K., Wang, Y., Zhang, R., Zhang, H., & Gao, C. (2019). CRISPR/Cas genome editing and precision plant breeding in agriculture. *Annual Review of Plant Biology*, 70, 667-697. <https://doi.org/10.1146/annurev-arplant-050718-100049>

- Gao, C. (2021). Genome engineering for crop improvement and future agriculture. *Cell*, 184(6), 1621-1635. <https://doi.org/10.1016/j.cell.2021.01.005>
- Hamada, H., Liu, Y., Nagira, Y., Miki, R., Taoka, N., & Imai, R. (2018). Biolistic-delivery-based transient CRISPR/Cas9 expression enables in planta genome editing in wheat. *Scientific Reports*, 8, 14422. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-32714-6>
- Jaganathan, D., Ramasamy, K., Sellamuthu, G., Jayabalan, S., & Venkataraman, G. (2018). CRISPR for crop improvement: An update review. *Frontiers in Plant Science*, 9, 985. <https://doi.org/10.3389/fpls.2018.00985>
- Langner, T., Kamoun, S., & Belhaj, K. (2018). CRISPR crops: Plant genome editing toward disease resistance. *Annual Review of Phytopathology*, 56, 479-512. <https://doi.org/10.1146/annurev-phyto-080417-050158>
- Lin, Q., Zong, Y., Xue, C., Wang, S., Jin, S., Zhu, Z., Wang, Y., Anzalone, A. V., Raguram, A., Doman, J. L., Liu, D. R., & Gao, C. (2020). Prime genome editing in rice and wheat. *Nature Biotechnology*, 38, 582-585. <https://doi.org/10.1038/s41587-020-0455-x>
- McLaughlin, J. E., Kue Foka, I. C., Lawton, M. A., & Di, R. (2025). CRISPR activation: Identifying and using novel genes for plant disease resistance breeding. *Frontiers in Genome Editing*, 7, 1596600. <https://doi.org/10.3389/fgeed.2025.1596600>
- Oliva, R., Ji, C., Atienza-Grande, G., Huguet-Tapia, J. C., Perez-Quintero, A., Li, T., Eom, J. S., Li, C., Nguyen, H., Liu, B., Auguy, F., Sciallano, C., Luu, V. T., Dossa, G. S., Cunnac, S., Schmidt, S. M., Slamet-Loedin, I. H., Vera Cruz, C., Szurek, B., ... Yang, B. (2019). Broad-spectrum resistance to bacterial blight in rice using genome editing. *Nature Biotechnology*, 37, 1344-1350. <https://doi.org/10.1038/s41587-019-0267-z>
- 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., Chou, R., Glanville, J., Grimshaw, J. M., Hróbjartsson, A., Lalu, M. M., Li, T., Loder, E. W., Mayo-Wilson, E., McDonald, S., ... Moher, D. (2021). The PRISMA 2020 statement: An updated guideline for reporting systematic reviews. *BMJ*, 372, n71. <https://doi.org/10.1136/bmj.n71>
- Pan, C., Li, G., Malzahn, A. A., Cheng, Y., Leyson, B., Sretenovic, S., Gurel, F., Coleman, G. D., & Qi, Y. (2022). Boosting plant genome editing with a versatile CRISPR-Combo system. *Nature Plants*, 8, 513-525. <https://doi.org/10.1038/s41477-022-01151-9>
- Park, H. J., Kim, M., Lee, D., Kim, H. J., & Jung, H. W. (2024). CRISPR-Cas9 and beyond: Identifying target genes for developing disease-resistant plants. *Plant Biology*, 26(3), 369-377. <https://doi.org/10.1111/plb.13625>
- Paul, N. C., Park, S.-W., Liu, H., Choi, S., Ma, J., MacCready, J. S., Chilvers, M. I., & Sang, H. (2021). Plant and fungal genome editing to enhance plant disease resistance using the CRISPR/Cas9 system. *Frontiers in Plant Science*, 12, 700925. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.700925>
- Schindele, P., Wolter, F., & Puchta, H. (2020). CRISPR guide RNA design guidelines for efficient genome editing. *Methods in Molecular Biology*, 2166, 55-77. https://doi.org/10.1007/978-1-0716-0712-1_4
- Shimatani, Z., Kashojiya, S., Takayama, M., Terada, R., Arazoe, T., Ishii, H., Teramura, H., Yamamoto, T., Komatsu, H., Miura, K., Ezura, H., Nishida, K., Ariizumi, T., & Kondo, A. (2017). Targeted base editing in rice and tomato using a CRISPR-Cas9 cytidine deaminase fusion. *Nature Biotechnology*, 35, 441-443. <https://doi.org/10.1038/nbt.3833>
- Wang, F., Wang, C., Liu, P., Lei, C., Hao, W., Gao, Y., Liu, Y. G., & Zhao, K. (2016). Enhanced rice blast resistance by CRISPR/Cas9-targeted mutagenesis of the OsERF922 gene. *Molecular Plant*, 9(2), 406-409. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.01.004>

Zhang, Y., Malzahn, A. A., Sretenovic, S., & Qi, Y. (2019). The emerging and uncultivated potential of CRISPR technology in plant science. *Nature Plants*, 5, 778-794. <https://doi.org/10.1038/s41477-019-0461-5>

Zong, Y., Wang, Y., Li, C., Zhang, R., Chen, K., Ran, Y., Qiu, J. L., Wang, D., & Gao, C. (2017). Precise base editing in rice, wheat and maize with a Cas9-cytidine deaminase fusion. *Nature Biotechnology*, 35, 438-440. <https://doi.org/10.1038/nbt.3811>

CONSIDERACIONES ÉTICAS

El presente estudio se llevó a cabo de conformidad con los principios éticos que rigen la investigación con participantes humanos. Antes de la recolección de los datos, el protocolo de investigación fue revisado y aprobado por el comité de ética institucional correspondiente. Todos los participantes fueron informados de manera clara sobre los objetivos del estudio, los procedimientos, las posibles implicaciones y el carácter voluntario de su participación, otorgando posteriormente su consentimiento informado. Durante todo el proceso de investigación se garantizó la confidencialidad de la información, el anonimato de los participantes y el uso exclusivo de los datos recopilados con fines científicos y académicos.

DECLARACIÓN SOBRE EL USO DE INTELIGENCIA ARTIFICIAL (IA)

Los autores declaran que la herramienta de inteligencia artificial generativa ChatGPT fue utilizada exclusivamente para la traducción al idioma inglés y la revisión lingüística del manuscrito. Esta herramienta no contribuyó a la concepción del estudio, el diseño de la investigación, la recolección de datos, el análisis estadístico, la interpretación de los resultados ni a la elaboración de las conclusiones. Los autores asumen la plena responsabilidad por la originalidad, exactitud, integridad y validez científica del contenido presentado en este manuscrito.

FINANCIAMIENTO

La presente investigación no recibió subvenciones, becas ni apoyo financiero específico por parte de organismos públicos, entidades comerciales u organizaciones sin fines de lucro.

CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no existen conflictos de intereses de carácter financiero, personal, profesional o institucional que hayan podido influir en el desarrollo, los resultados o la publicación de esta investigación.

CONTRIBUCIÓN DE AUTORÍA

Nombres de autores e iniciales:

Diego Hernán Tobar Pérez (DHTP)

Funciones desempeñadas por cada autor:

Conceptualización: (DHTP)

Curación de datos: (DHTP)

Análisis formal: (DHTP)

Adquisición de fondos: (DHTP)

Investigación: (DHTP)

Metodología: (DHTP)

Administración del proyecto: (DHTP)

Recursos: No aplica

Software: (DHTP)

Supervisión: (DHTP)

Validación: (DHTP)

Visualización: (DHTP)

Redacción – Borrador original: (DHTP)

Redacción – Revisión y edición: (DHTP)