



## Estructura y diversidad genética de poblaciones naturales de *Cedrelinga Cateniformis* "tornillo" en la región oriental del Perú

### Genetic structure of natural populations of *Cedrelinga Cateniformis* "tornillo" from the oriental region of Peru

Wilbert Cruz<sup>1,\*</sup> ; Carla Saldaña<sup>1</sup> ; Haydee Ramos<sup>1</sup> ; Rodrigo Baselly<sup>1</sup> ; Johan Cancán Loli<sup>1</sup> ; Eloy Cuellar<sup>1,2</sup> 

<sup>1</sup> Dirección de Desarrollo Tecnológico Agrario, Instituto Nacional de Innovación Agraria. Avenida La Molina 1981. Lima, Lima 15024. Peru.

<sup>2</sup> Facultad de Ciencias Forestales. Universidad Nacional Agraria La Molina. Avenida La Molina s/n. Lima, Lima 15024. Peru.

Received May 12, 2020. Accepted October 2, 2020.

#### Resumen

Tornillo es una especie forestal de amplia distribución en la Amazonia del Perú, su explotación irracional ha generado pérdidas en su diversidad. En la actualidad, no se tiene una línea base para el desarrollo de estrategias de conservación debido a un limitado conocimiento de la estructura genética en las poblaciones de tornillo el cual permitiría implementar un adecuado programa de conservación de la especie. Se colectó 91 individuos de la especie en cinco departamentos (Madre de Dios, Loreto, Puno, San Martín y Ucayali). Se seleccionaron los 5 primers RAPDs más polimórficos (OPA02, OPA04, OPA12, OPA18 Y OPF05), identificándose 96 marcadores polimórficos. El PIC varió de 0,24 - 0,31; el AMP fue 47,86%. No se reportó duplicados. He entre las poblaciones varió entre 0,265 - 0,296; Madre de Dios presentó un menor valor (0,174). El índice de Shannon presentó la misma variación (0,402 - 0,447; 0,262). Existe una correlación espacial- genética ( $r_{xy} = 0,311$ ;  $p\text{-value} < 0,001$ ), asimismo se encontró una variabilidad genética entre y dentro departamentos ( $\text{PhiPT} = 0,256$ ;  $p\text{-value} < 0,0001$ ). Loreto y Ucayali, genéticamente se encuentran relacionadas. A la vez, San Martín y Puno tienen un origen en Ucayali (Masisea) y San Martín tiene un origen en Loreto (San Juan Bautista). Los resultados permitirán sentar las bases de un programa de conservación para el aprovechamiento sostenible de la especie.

**Palabras clave:** *Cedrelinga cateniformis*; tornillo; diversidad genética; estructura genética; RAPDs.

#### Abstract

Tornillo is a forest species of wide distribution in the Peruvian Amazon, its irrational exploitation has generated losses in its diversity. Currently, there is no baseline for the development of conservation strategies due to limited knowledge of the structure genetic in tornillo populations which would allow the implementation of an adequate conservation program for the species. 91 individuals of the species were collected in five departments (Madre de Dios, Loreto, Puno, San Martín and Ucayali). The 5 most polymorphic RAPD primers were selected (OPA02, OPA04, OPA12, OPA18, and OPF05), identifying 96 polymorphic markers. The PIC ranged from 0.24 - 0.31; the AMP was 47.86%. No duplicates were reported. He between populations varied between 0.265 - 0.296; Madre de Dios presented a lower value (0.174). The Shannon index presented the same variation (0.402 - 0.447; 0.262). There is a spatial-genetic correlation ( $r_{xy} = 0.311$ ;  $p\text{ value} < 0.001$ ), specifically a genetic variability is found between departments ( $\text{PhiPT} = 0.256$ ;  $p\text{ value} < 0.0001$ ). Loreto and Ucayali are genetically related. At the same time, San Martín and Puno have an origin in Ucayali (Masisea) and San Martín have an origin in Loreto (San Juan Bautista). These results will allow to initiate the bases of a conservation program for the sustainable use of the species.

**Keywords:** *Cedrelinga cateniformis*; tornillo; Genetic diversity; genetic structure; RAPDs.

#### Cite this article:

Cruz, W.; Saldaña, C.; Ramos, H.; Baselly, R.; Loli, J.C.; Cuellar, E. 2020. Estructura y diversidad genética de poblaciones naturales de *Cedrelinga Cateniformis* "tornillo" en la región oriental del Perú. Scientia Agropecuaria 11(4): 521-528.

\* Corresponding author  
E-mail: [wilbertcruz2020@gmail.com](mailto:wilbertcruz2020@gmail.com) (W. Cruz).

## 1. Introducción

La superficie de la tierra se encuentra cubierta por bosques tropicales (7%), albergando dos tercios de la diversidad floral del mundo (Estoque et al., 2019), muchos de ellos son proveedores de bienes maderables y no maderables, los cuales brindan servicios ecológicos (captura de carbono, regulación hídrica y biodiversidad). La actividad humana ha reducido las áreas de bosques, transformándolas en zonas para uso agrícola y urbano, incrementando la explotación de especies forestales y fragmentando las áreas silvestres (Ledig, 1992), modificando la estructura demográfica forestal, el hábitat e impactando en la diversidad inter e intraespecífica de las especies; esta se debe al aprovechamiento indiscriminado de las especies forestales lo que ha generado deforestación en varias regiones del planeta (Bala et al., 2007; Barber et al., 2014; Busch y Amarjargal, 2020; Estoque et al., 2019; Guariguata et al., 2008; Kanae et al., 2001; Nogherotto et al., 2013; Rasolofson et al., 2015; Spracklen y Garcia-Carreras, 2015; Zou et al., 1995), reduciendo la diversidad de las especies por la explotación directa de las poblaciones localmente adaptadas.

De acuerdo al primer catastro mundial de árboles del 2017, en el planeta se ha reportado 60065 especies de las cuales 9600 se encuentran en la categoría amenazada, resultado de la deforestación y la sobre explotación de estas, por lo que en los últimos años ha empezado a tener importancia la conservación para el aprovechamiento sostenible de los bosques (Newton et al., 1999), el cual permite obtener beneficios económicos, ambientales y socio económico de los bosques como una estrategia de mitigación al cambio climático (Canadell y Raupach, 2008). Al respecto la diversidad genética en las especies forestales permite a corto plazo la adaptación de las especies al cambio ambiental y a largo plazo favorece a la adaptación de las comunidades a las diferentes interrupciones ambientales. A la fecha, se tiene reportes acerca de la variación intra-específica de especies forestales como *Cedrela odorata* (Meliaceae) (Gillies et al., 1997), *Gliricidia sepium* y *G. maculata* (Chalmers et al., 1992), *Quercus petrae* (Bacilieri et al., 1994), *Bertholletia excelsa* (Baldoni et al., 2020), *Populus deltoides* (Chen et al., 2020), *Dipteryx* sp. (García-Davila et al., 2020), *Swietenia macrophylla* (Gillies et al., 1999), *Pinus leucodermis* (Bucci et al., 1997) *Pinus oocarpa* (Díaz-Vargas, 2001).

La familia Leguminosae alberga alrededor de 600 géneros y 13000 especies cosmopolitas. *Cedrelinga cateniformis* (Ducke) “Tornillo” se distribuye en la región tropical de Sudamérica (Ecuador, Perú, Colombia y Brasil), desde los 120 hasta 800 m.s.n.m.; en áreas con una precipitación anual de 2500 a 3800 mm y temperatura promedio de 23 a 38 °C; es considerada como una especie de sucesión secundaria, de amplia distribución ecológica (húmedo tropical, subtropical y seco tropical), con buen desarrollo en suelos con bajos niveles de fertilidad (Aróstegui y Díaz, 1992). A nivel de la madera, esta se encuentra catalogada con una densidad básica media (INIA, 2010), de fácil trabajabilidad, con buen acabado por lo que es utilizado en carpintería (González y Gonçalves, 2001) y es considerada como un sustituto de las especies tropicales sobreexplotadas (Haag et al., 2020)

Esta especie ha sido priorizada para estudios de domesticación (Leakey y Simons, 1997), así también en la incorporación de sistemas agroforestales (con café, cítricos, banano y cacao) lo que ha permitido reducir los bajos niveles económicos de los productores forestales en Junín (IIAP, 2009). Debido a su rápido desarrollo juvenil ha permitido su masificación en plantaciones en Ucayali y Loreto (Baluarte y Alvarez, 2015; IIAP, 2009).

FAO (2018) señala que el Tornillo es la principal especie utilizadas como madera aserrada, con una participación del 9,2% en el mercado nacional, el 90% procede del bosque tropical, principalmente de regiones como Loreto, Madre de Dios y Ucayali. Los trabajos de reforestación en esta especie son limitados, por lo que identificar la variabilidad intra-específica en Tornillo permitirá implementar una adecuada estrategia para la reforestación con una amplia variabilidad genética a fin de evitar su erosión genética. El desarrollo de los marcadores moleculares, a la fecha ha permitido realizar estudios en filogenia y diversidad en especies forestales. Los RAPDs (Random Amplified Polymorphic DNA) son de bajo costo, de fácil manejo, requiere bajas concentraciones de ADN y genera perfiles genéticos en corto tiempo. Son marcadores de amplia utilización en especies forestales (Bucci et al., 1997; Chalmers et al., 1992; Gillies et al., 1997; Nesbitt et al., 1997; Newton et al., 1999; Tijerino et al., 2016; Wang et al., 2011), los cuales han permitido realizar estudios de diversidad genética. La región oriental del Perú concentra una diversidad de especies forestales con potencial de aprovechamiento sostenible. En Tornillo, a la fecha no



**Tabla 1**

Ubicación geográfica de las colectas de tornillo

Departamento	Provincia	Distrito	n	Latitud	Longitud	Altitud
Puno	Carabaya	San Gabán	11	379823	8514824	613
Ucayali	Padre Abad	Von Humboldt	4	493979	9023725	238
	Coronel Portillo	Masisea	17	648737	9037902	227
Loreto	Maynas	SJ. Bautista	17	676228	9562749	131
	Alto Amazonas	Yurimaguas	6	375504	9343607	151
San Martín	Huallaga	Saposa	11	292847	9231814	768
		Piscocacu	8	294782	9228503	867
Madre de Dios	Tambopata	Las Piedras	17	483525	8673352	263
Total			91			

### Caracterización genética

Se realizó una prueba para la identificación de los primers más polimórficos según lo propuesto por Goyal *et al.* (2014). El PCR se desarrolló en un volumen de 10 µl, se utilizó el kit Kapa HiFi Hotstart ReadyMix, primers (1 µM), ADN (2 ng) y agua libre de nucleasas. La amplificación se desarrolló en un termociclador Simplyone (Applied Biosystems™) siendo las condiciones: 94 °C por 4 min, 40 ciclos a 94 °C por 1 min, 37 °C por 45 s, 72 °C por 2 min y una extensión de 10 min a 72 °C. Los fragmentos amplificados fueron separados a través de una electroforesis en agarosa (1 %) a 90 v en buffer TBE, la tinción se realizó con Gelred, el patrón de bandas fue visualizado en un transiluminador UV y las imágenes fueron almacenada en un fotodocumentador.

### Análisis de datos

Los primers RAPDs más polimórficos generaron un perfil de patrones de bandas por individuo que fueron registrados en una matriz básica de datos como presencia y ausencia (1 y 0, respectivamente). El análisis descriptivo de los primers fue realizado a través de Infogen (Balzarini y Di Rienzo, 2004; 2016) evaluando, número de muestras duplicadas, proporción de loci polimórfico (PMF), contenido de información polimórfica (PIC) (según Botstein *et al.*, 1980), % de amplificación (AMP) y la probabilidad que dos individuos puedan compartir el mismo alelo al azar (PDICMA). A nivel poblacional se evaluó con GenAlex 6.5 (Peakall y Smouse 2006, 2012), número de alelos diferentes (Na), alelos efectivos (Ne), índice de Shannon (I), diversidad genética o Heterocigocidad esperada (He) y neutra de la población (uHe), el porcentaje de loci polimórfico, la distancia e identidad genética de Nei y la variación genética entre las poblaciones (PhiPT) a través de Análisis Molecular de Varianza (AMOVA), a la vez se realizó un análisis de correlación espacial entre la distancias genéticas y geográfica mediante de la prueba de Mantel. El análisis de disimilaridad se realizó mediante el coeficiente de Jaccard y el agrupamiento mediante el algoritmo de Neighbor Joining, así mismo se desarrolló el Análisis de Coordenadas Principales (PcoA) mediante el programa DARwin 6.5 (Perrier y Jacquemoud, 2006). La relación entre los grupos genéticos por localidades fue analizada a través del Árbol de Recorrido Mínimo (ARM) mediante Infostat (Di Rienzo *et al.*, 2015).

De los 44 primers evaluados se identificaron a los 5 más polimórficos (OPA02, OPA04, OPA12, OPA18 y OPF05) con patrones de bandas en el rango de 200 a 3000 pb. De los 96 marcadores identificados, OPA04 y OPA18 presentaron un mayor número de bandas polimórficas (20), seguido de OPA02 Y OPA12 (19) y OPF05 (18). Los primers con el mayor contenido de amplificación (AMP) se registró para OPA04, OPA18, OPF05, OPA02 y OPA12 (53,57; 52,47; 48,78; 43,03 y 40,95 %, respectivamente). El promedio de las bandas polimórficas (47,86%) es superior a lo reportado por Hamrick y Godt (1990) para especies dicotiledóneas (44,8%). Los primers con mayor PIC fueron OPA18, OPA04, OPA12 y OPF05 (0,31; 0,30; 0,29 y 0,28 respectivamente) estos marcadores superan la mitad del PIC siendo los más informativos y de mayor utilidad para la caracterización genética (Balzarini *et al.*, 2010), mientras que OPA02 fue de 0,24. La probabilidad que dos individuos compartan el mismo alelo al azar (PDICMA) ha permitido identificar materiales duplicados en caña de azúcar (Balzarini *et al.*, 2010). OPA04, OPA12, OPA18 y OPF05 permiten discriminar duplicados dentro de las muestras analizadas, no reportando duplicados para el presente estudio (Tabla 2). El Número de alelos diferentes (Na) oscila entre 1,698 a 1,896 en los departamentos de Puno (1,698); Ucayali (1,896); Loreto (1,813) y San Martín; en Madre de Dios fue menor (1,271), similar comportamiento con el número de alelos efectivos (Ne) (1,449; 1,507; 1,496; 1,496 y 1,297, respectivamente).

### 3. Resultados y discusión

#### Diversidad genética

De los 44 primers evaluados se identificaron a los 5 más polimórficos (OPA02, OPA04, OPA12, OPA18 y OPF05) con patrones de bandas en el rango de 200 a 3000 pb. De los 96 marcadores identificados, OPA04 y OPA18 presentaron un mayor número de bandas polimórficas (20), seguido de OPA02 Y OPA12 (19) y OPF05 (18). Los primers con el mayor contenido de amplificación (AMP) se registró para OPA04, OPA18, OPF05, OPA02 y OPA12 (53,57; 52,47; 48,78; 43,03 y 40,95 %, respectivamente). El promedio de las bandas polimórficas (47,86%) es superior a lo reportado por Hamrick y Godt (1990) para especies dicotiledóneas (44,8%). Los primers con mayor PIC fueron OPA18, OPA04, OPA12 y OPF05 (0,31; 0,30; 0,29 y 0,28 respectivamente) estos marcadores superan la mitad del PIC siendo los más informativos y de mayor utilidad para la caracterización genética (Balzarini *et al.*, 2010), mientras que OPA02 fue de 0,24. La probabilidad que dos individuos compartan el mismo alelo al azar (PDICMA) ha permitido identificar materiales duplicados en caña de azúcar (Balzarini *et al.*, 2010). OPA04, OPA12, OPA18 y OPF05 permiten discriminar duplicados dentro de las muestras analizadas, no reportando duplicados para el presente estudio (Tabla 2). El Número de alelos diferentes (Na) oscila entre 1,698 a 1,896 en los departamentos de Puno (1,698); Ucayali (1,896); Loreto (1,813) y San Martín; en Madre de Dios fue menor (1,271), similar comportamiento con el número de alelos efectivos (Ne) (1,449; 1,507; 1,496; 1,496 y 1,297, respectivamente).

**Tabla 2**

Evaluación básica de los primers de RAPDs en tornillo

Primer	BP	PMF95	PIC	AMP	PDICMA
OPA02	19	0,95	0,24	43,03	1,70E-08
OPA04	20	0,90	0,30	53,57	1,50E-11
OPA12	19	0,95	0,29	40,95	2,90E-11
OPA18	20	0,95	0,31	52,47	2,00E-12
OPF05	18	1	0,28	48,78	2,60E-10
Total	96			47,86	3,90E-51

Bandas polimórficas (BP), la proporción de loci polimórficos (PMF95), Índice de Contenido Polimórfico (PIC), Porcentaje de Amplificación (AMP), Probabilidad de dos individuos compartan el mismo alelo al azar (PDICMA).

El índice de Shannon (I) provee una información robusta del intercambio genético dentro de una población, en un sentido más amplio a los valores de dispersión que el  $F_{st}$  (Rossetto et al., 2008; Sherwin et al., 2006). I oscila entre 0,402 a 0,447 para los departamentos de Puno (0,402); Ucayali (0,447); Loreto (0,433) y San Martín (0,422), mientras que Madre de Dios presenta un menor valor (0,262). La heterocigosidad ( $H_e$ ) se encuentran en el rango de 0,265 - 0,289 en los departamentos Ucayali (0,296); Loreto (0,289); San Martín (0,278) y Puno (0,265); mientras que Madre de Dios presenta menor valor en comparación a los otros departamentos (0,174). Se realizó un análisis de correlación de Pearson entre los índices de Shannon y Nei encontrándose una alta correlación ( $r^2 = 1$ , p-value < 0,0001), la cual ha sido reportada en especies forestales como *Cedrela odorata* (Tijerino et al., 2016). De la misma forma el porcentaje de loci polimórfico alto (81,25% - 91,67%) para los departamentos de Puno, Ucayali Loreto y San Martín, mientras que en Madre de Dios el porcentaje de polimorfismo es reducido (Tabla 3).

### Estructura genética

El análisis espacial a través de la prueba de mantel señala una correlación significativa entre los patrones genéticos y geográficos ( $r_{xy} = 0,311$ ; p-value < 0,001). El agrupamiento realizado a través del índice de Jaccard permite la identificación de tres grupos poblacionales (Loreto, Madre de Dios y Ucayali), dentro del grupo de Ucayali se observa una sub-agrupación la cual corresponde a los departamentos de San Martín, Ucayali.

En el caso de Puno, se encuentra relacionado con Ucayali (Figura 2a), la cual fue corroborado mediante el Análisis de Coordenadas Principales (Figura 2b) identificándose cuatro grupos genéticos (Loreto, San Martín, Madre de Dios, Ucayali- Puno). El análisis de conglomerados (Figura 2c) permite evaluar el agrupamiento de los cinco departamentos, Loreto y Ucayali se encuentra relacionados, así mismo Puno está relacionada con Ucayali, mientras de Madre de Dios y San Martín se encuentran distanciadas a los dos primeros departamentos. El análisis de Correspondencia Canónica (Figura 2c) corrobora la cercanía de las poblaciones de Loreto y Ucayali, a la vez se visualiza relación entre Ucayali- Puno y Loreto- Madre de Dios y de San Martín. A la vez, las poblaciones del sur (Ucayali y Puno) se agrupan en un mismo cuadrante; mientras que las poblaciones del norte (Loreto y San Martín) se encuentra opuesto a las poblaciones del sur, mientras que la de Madre de Dios tiene una cercanía a la población de Loreto.

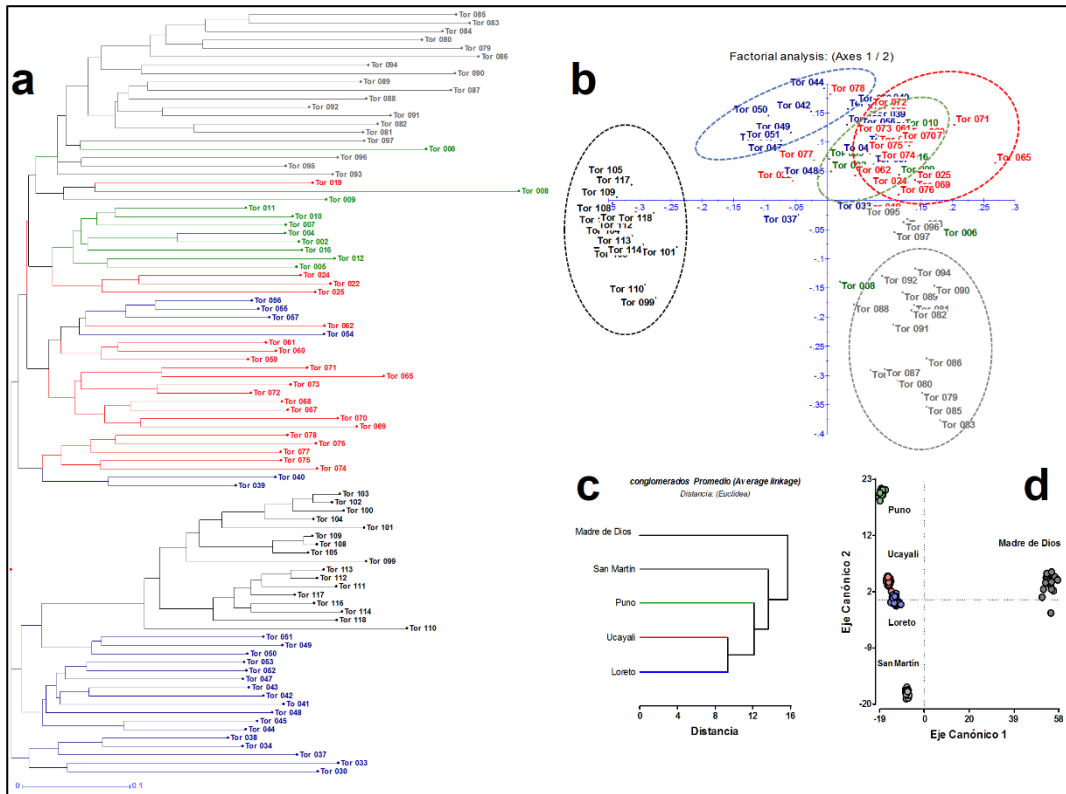
El árbol de recorrido mínimo (ARM) es un algoritmo de encadenamiento de objetos que permite una mejor interpretación de las ordenaciones en espacios de dimensión reducida, los puntos se conectan con segmentos de líneas rectas de manera que se encuentren unidos (Arroyo et al., 2005; Balzarini et al., 2010). Los dos componentes del ARM a nivel de departamento representa el 68 % de distribución poblacional, donde las poblaciones de Ucayali y Loreto son poblaciones diferenciadas y cercanamente emparentadas, mientras que la población de Puno tiene un origen en Ucayali, de la misma manera San Martín se encuentra más distanciado. A la vez que la población de Loreto interacciona con las de Madre de Dios. A nivel de localidad, las evaluaciones en la localidad de San Juan Bautista (Loreto) ha interaccionado con las localidades Ucayali (Masisea e Irazola), así también con las Piedras (Madre de Dios), siendo Masisea la localidad que ha interaccionado con las poblaciones de San Martín (Saposa y Piscoyacu) y Puno (San Gabán) y Madre de Dios (Las Piedras) (Figura 3).

**Tabla 3**

Resumen de los índices de genética en las poblaciones de tornillo a nivel de departamento

Departamento	N	Na	Ne	I	He	uHe	% Loci polimórfico
Puno	11	1,698	1,449	0,402	0,265	0,278	81,25
Ucayali	21	1,896	1,507	0,447	0,296	0,304	91,67
Loreto	23	1,813	1,496	0,433	0,289	0,295	86,46
San Martín	19	1,813	1,469	0,422	0,278	0,285	88,54
Madre de Dios	17	1,271	1,297	0,262	0,174	0,179	53,13

Número individuos por localidad (N), Número de alelos diferentes (Na), Número de alelos efectivos (Ne), Índice de Shannon (I), Heterocigosidad esperada (He), Heterocigosidad esperada neutra (uHe).



**Figura 2.** Estructura poblacional de las poblaciones de Tornillo a partir marcadores RAPDs. a) Agrupamiento mediante el índice de Jaccard a través del método de Neihgbor joining. b) Análisis de Coordenadas Principales (PCoA). c) Análisis de conglomerados de las poblaciones de Tornillo (distancia Euclidiana). d) Análisis de correspondencia de las poblaciones de Tornillo.

**Tabla 5**

Matriz de diferenciación poblacional pareada entre la distancia genética de Nei (diagonal abajo) vs. Variación genética poblacional (PhiPT) (diagonal arriba) en tornillo

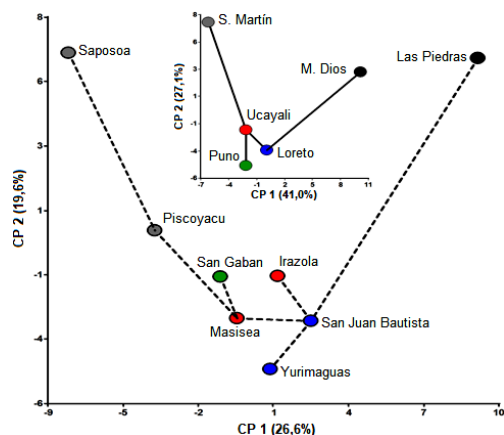
Departamento	Puno	Ucayali	Loreto	San Martin	Madre de Dios
Puno		0,093	0,160	0,179	0,438
Ucayali	0,059		0,082	0,171	0,397
Loreto	0,083	0,048		0,226	0,368
San Martin	0,106	0,080	0,112		0,419
Madre de Dios	0,244	0,226	0,200	0,240	

La variación genética en las poblaciones de Tornillo se presentan principalmente una alta variación de los individuos dentro de los departamentos (74%) y una baja se variación entre los departamentos (26%), el comportamiento de la alta variación dentro de departamentos es semejante a lo reportado en *Cedrela odorata* (Tijerino et al., 2016) los cuales presentan una alta significancia (PhiPT = 0,256; p-value < 0,0001), estos resultados permitiría a definir una estrategia para la conservación in situ y ex-situ como señala Andrianoelina et al. (2006).

La comparación pareada de la diferenciación poblacional fue calculada a partir de los índices de Nei y PhiP (Tabla 5). El apareamiento de PhiP se encontró en el rango de 0,082 - 0,438; la población de Madre de Dios tiene menor diferenciación con los otros de-

partamentos, siendo Ucayali-Puno y Ucayali-Loreto los que presentan menor diferenciación de PhiP (0,093 y 0,082 respectivamente). Esta relación es similar con el índice de Nei (0,048 y 0,059). La última comparación es consistente geográficamente. En ambas comparaciones Puno es genéticamente similar a Ucayali, de la misma manera Loreto y Ucayali. Las poblaciones forestales con diferentes orígenes geográficos presentan altos niveles de variación (Hamrick et al., 1992), las cuales se encuentran influenciadas por el sistema de reproducción, el flujo de genes, la dispersión de semillas y la selección natural (Wang et al., 2011), estos conceptos contribuyen al desarrollo de estrategias para la identificación de unidades de conservación (Newton et al., 1999), las especies forestales con amplio rango geográfico, representa un alto nivel

de diversidad genética en comparación a especies endémicas y especies autopolinizadoras (Casiva et al., 2002).



**Figura 3.** Interacción genética entre los departamentos y poblaciones de Tornillo por Árbol de Recorrido Mínimo.

#### 4. Conclusiones

Los 5 marcadores RAPDs seleccionados (OPA02, OPA04, OPA12, OPA18 y OPF05) ha generado 96 bandas polimórficas que ha permitido evaluar la diversidad genética de Tornillo, El PIC de los marcadores empleados presentan variaciones lo que permite el análisis de diversidad, los individuos colectados dentro de los departamentos presentan una variabilidad en la heterocigosidad ( $H_e$ ), siendo Madre de Dios la región con menor valor, estos valores guardan una relación directa con el índice Shannon. Asimismo, las poblaciones estudiadas presentan una correlación entre las variables geográficas y genéticas. Loreto y Ucayali son las poblaciones estrechamente relacionada; los individuos de San Juan Bautista (Loreto) presenta una relación directa con los Masisea e Irazola (Ucayali) y las Piedras (Madre de Dios); así mismo Masisea se relaciona con las poblaciones de Piscocoyacu y Saposoa (San Martín).

El desarrollo de un programa de conservación es importante en el conocimiento de la distribución de la variación genética de una especie para el aprovechamiento racional a de la diversidad de grupos genéticos de la especie, por lo que es necesario la toma de decisiones basadas en patrones genéticos especialmente si la acción antropogénica tiene un papel predominante sobre los hábitats de las especies. En Tornillo, a través investigación en estructura y diversidad permite determinar el estado actual de la especie en el Perú, siendo este el primer reporte del estado poblacional que permitirá implementar una línea base del estado situacional

de la especie como se viene desarrollando en especies nativas forestales de importancia económica en el Perú.

#### Agradecimientos

A Mirian Correa, Joel Reyes por el apoyo en las actividades en el laboratorio; Haru Garcia, Yanet Chumbimune, Lhia Aguirre y Katherine Sandoval por el apoyo en las colectas. Fuente de Financiamiento Programa Nacional de Innovación Agraria (PI\_120).

#### ORCID

W. Cruz <https://orcid.org/0000-0003-0314-4686>  
 C. Saldaña <https://orcid.org/0000-0002-9725-3578>  
 H. Ramos <https://orcid.org/0000-0003-4332-0330>  
 R. Baselly <https://orcid.org/0000-0001-7795-7925>  
 J. Cancán Loli <https://orcid.org/0000-0002-6395-2047>  
 E. Cuellar <https://orcid.org/0000-0001-5087-5719>

#### Referencias bibliográficas

- Andrianoelina, O.; Rakotondraoelina, H.; Ramamonjisoa, L.; et al. 2006. Genetic diversity of *Dalbergia monticola* (Fabaceae) an endangered tree species in the fragmented oriental forest of Madagascar. *Biodiversity and Conservation* 15(4): 1109-1128.
- Aróstegui, V.A.; Diaz, P.M. 1992. Propagación de especies forestales nativas promisorias en Jenaro Herrera. Instituto de Investigación de la Amazonía Peruana. 128 pp.
- Arroyo, A.; Bruno, C.; Di Rienzo, J.; et al. 2005. Árboles de expansión mínimos: Ayudas para una mejor interpretación de ordenaciones en Banco de Germoplasma. *Interciencia* 30(9): 51-63.
- Bacilieri, R.; Labbe, T.; Kremer, A. 1994. Intraspecific genetic structure in a mixed population of *Quercus petraea* (Matt.) Leibl and *Q. robur* L. *Heredity* 73(2): 130-141.
- Bala, G.; Caldeira, K.; Wickett, M.; et al. 2007. Combined climate and carbon-cycle effects of large-scale deforestation. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America* 104(16): 6550-6555.
- Baldoni, A.B.; Ribeiro Teodoro, L.P.; Eduardo Teodoro, P.; et al. 2020. Genetic diversity of Brazil nut tree (*Bertholletia excelsa* Bonpl.) in southern Brazilian Amazon. *Forest Ecology and Management* 458: 117795.
- Baluarde, V.J.; Alvarez, G.J. 2015. Modelamiento del crecimiento del Tornillo *Cedrelinga catenaeformis* Ducke en plantaciones en Jenaro Herrera, Departamento de Loreto, Perú. *Folia Amazónica* 24(1): 21-32.
- Balzarini, M.; Di Rienzo, J. 2004. Info-Gen: Software para análisis estadístico de datos genéticos. Argentina: Facultad de Ciencia Agropecuarias, Universidad Nacional de Córdoba.
- Balzarini, M.; Di Rienzo, J. 2016. InfoGen version 2016. Disponible en: <http://www.info-gen.com.ar>
- Balzarini, M.; Peña, T.I.; Di Rienzo, J. 2010. Estadística en Biotecnología. Aplicaciones en Info-gen. (1st ed.). Encuentro Grupo Editor.
- Barber, C.P.; Cochrane, M.A.; Souza, C.M.; et al. 2014. Roads, deforestation, and the mitigating effect of protected areas in the Amazon. *Biological Conservation* 177: 203-209.
- Botstein, D.; White, R.L.; Skolnick, M.; et al. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics* 32(3): 314-331.
- Bucci, G.; Vendramin, G.G.; Lelli, L.; et al. 1997. Assessing the genetic divergence of *Pinus leucodermis* Ant. endangered populations: Use of molecular markers for conservation purposes.

- Theoretical and Applied Genetics 95(7): 1138-1146.
- Busch, J.; Amarjargal, O. 2020. Authority of Second-Tier Governments to Reduce Deforestation in 30 Tropical Countries. *Frontiers in Forests and Global Change* 3:1
- Casiva, P.V.; Saidman, B.O.; Vilardi, J.C.; et al. 2002. First comparative phenetic studies of argentinean species of Acacia (Fabaceae), using morphometric, isozymal, and RAPD approaches. *American Journal of Botany* 89(5): 843-853.
- Canadell, J.G.; Raupach, M.R. 2008. Managing forests for climate change mitigation. In *Science* 320(5882): 1456-1457.
- Chalmers, K.J.; Waugh, R.; Sprent, J.I.; et al. 1992. Detection of genetic variation between and within populations of *Glicicidia sepium* and *G. maculata* using RAPD markers. *Heredity* 69(5): 465-472.
- Chen, C.; Chu, Y.; Ding, C.; et al. 2020. Genetic diversity and population structure of black cottonwood (*Populus deltoides*) revealed using simple sequence repeat markers. *BMC Genetics* 21(1): 1-12.
- Cruz, W.; Ramos, H.; Cuellar, J. 2019. Manual de protocolos para el estudio de diversidad genética en especies forestales nativas: Tornillo (*Cedrelinga cateniformis* (Ducke) Ducke), Capirona (*Calycophyllum spruceanum* Benth.), Shihuahuaco (*Dipteryx* sp.), Ishpingo (*Amburana* sp.) y Castaña (*Bertholletia excelsa*. Instituto Nacional de Innovación Agraria. Lima, Perú.
- Di Rienzo J.A.; Casanoves, F.; Balzarini M.G.; et al. 2015. InfoStat versión 2015. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. Disponible en: <http://www.infostat.com.ar>
- Díaz-Vargas, M.V. 2001. Caracterización de la diversidad genética de poblaciones naturales de *Pinus oocarpa* en Nicaragua a través de marcadores moleculares. Tesis de doctorado. Universidad de Alcalá, Madrid. España.
- Estoque, R.C.; Ooba, M.; Avitabile, V.; et al. 2019. The future of Southeast Asia's forests. *Nature Communications* 10(1): 1-12.
- FAO. 2018. La industria de la madera en el Perú, identificación de las barreras y oportunidades para el comercio interno de productos responsables de madera, proveniente de fuentes sostenibles y legales en las MYPES del Perú. 178 pp.
- García-Davila, C.; Aldana-Gomero, D.; Renno, J.F.; et al. 2020. Molecular evidence for three genetic species of Dipteryx in the Peruvian Amazon. *Genetica* 148(1): 1-11.
- Gillies, A.C.M.; Cornelius, J.P.; Newton, et al. 1997. Genetic variation in Costa Rican populations of the tropical timber species *Cedrela odorata* L., assessed using RAPDs. *Molecular Ecology* 6(12): 1133-1145.
- Gillies, A.C.M.; Navarro, C.; Lowe, A.J.; et al. 1999. Genetic diversity in Mesoamerican populations of Mahogany (*Swietenia macrophylla*), assessed using RAPDs. *Heredity* 83(6): 722-732.
- Gonçalves, J.; Gonçalves, D.M. 2001. Valorização de duas espécies de madeira *Cedrelinga cateniformis* e *Enterolobium shomburgkii* para a indústria madeireira valorização de two Brazilian Timbers *Cedrelinga cateniformis* e *Enterolobium shomburgkii*. *Revista Científica do Laboratório de Produtos Florestais* 71: 69-74.
- Goyal, M.; Singh, S.; Sibinga, E.M.S.; et al. 2014. Meditation Programs for Psychological Stress and Well-being: A Systematic Review and Meta-analysis. *JAMA Intern Med.* 174(3): 357-368.
- Guariguata, M.R.; Cornelius, J.P.; Locatelli, B.; et al. 2008. Mitigation needs adaptation: Tropical forestry and climate change. *Mitigation and Adaptation Strategies for Global Change* 13(8): 793-808.
- Haag, V.; Koch, G.; Melcher, E.; et al. 2020. Characterization of the wood properties of *Cedrelinga cateniformis* as substitute for timbers used for window manufacturing and outdoor applications. *Maderas. Ciencia y tecnología* 22(1): 23-36.
- Hamrick, J.L.; Godt, M.J.W. 1990. Allozyme Diversity in Plant Species. In: *Plant Population Genetics, Breeding, and Genetic Resources* (Brown HD, Clegg MT, Kahler AL and Weir BS, eds.). Sinauer Associates Inc., Sunderland.
- Hamrick, J.L.; Godt, M.J.W.; Sherman-Broyles, S.L. 1992. Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species. *New Forests* 6(1-4): 95-124.
- INIA. 2010. Propiedades físico mecánicas de la especie "tornillo" *Cedrelinga cateniformis* (Ducke) Ducke proveniente de plantaciones en fajas del bosque nacional Alexander von Humboldt-Ucayali.
- IIAP. 2009. Evaluación económica de plantaciones de Tornillo "*Cedrelinga cateniformis*", en el departamento de Loreto. In Gutiérrez et al. (eds.); 10th ed. IIAP. Peru.
- Kanae, S.; Oki, T.; Musiake, K. 2001. Impact of Deforestation on Regional Precipitation over the Indochina Peninsula. *J. Hydrometeorol* 2(1): 51-70.
- Leakey, R.R.B.; Simons, A.J. 1997. The domestication and commercialization of indigenous trees in agroforestry for the alleviation of poverty. *Agroforestry Systems* 38(1-3): 165-176.
- Ledig, F.T. 1992. Human Impacts on Genetic Diversity in Forest Ecosystems. *Oikos* 63(1): 87-108.
- Nesbitt, K.A.; Potts, B.M.; Vaillancourt, R.E.; et al. 1997. Fingerprinting and pedigree analysis in *Eucalyptus globulus* using RAPDs. *Silvae Genetica* 46(1): 6-11.
- Newton, A.C.; Allnutt, T.R.; Gillies, A.C.M.; et al. 1999. Molecular phylogeography, intraspecific variation and the conservation of tree species. *Trends in Ecology and Evolution* 14(4): 140-145.
- Nogherotto, R.; Coppola, E.; Giorgi, F.; et al. 2013. Impact of Congo Basin deforestation on the African monsoon. *Atmospheric Science Letters* 14(1): 45-51.
- Peakall, R.; Smouse, P.E. 2016. genalex 6: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology Notes*. *Molecular Ecology Notes* 6(1): 288-295.
- Peakall, R.; Smouse, P.E. 2012. GenAIEx 6.5: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—an update. *Bioinformatics (Oxford, England)* 28(19): 2537-2539.
- Perrier, X.; Jacquemoud-Collet, J.P. 2006. DARwin Software. <http://darwin.cirad.fr/darwin>.
- Rasolofson, R.A.; Ferraro, P.J.; Jenkins, C.N.; et al. 2015. Effectiveness of Community Forest Management at reducing deforestation in Madagascar. *Biological Conservation* 184: 271-277.
- Rossetto, M.; Kooyman, R.; Sherwin, W.; et al. 2008. Dispersal limitations, rather than bottlenecks or habitat specificity, can restrict the distribution of rare and endemic rainforest trees. *American Journal of Botany* 95(3): 321-329.
- Sherwin, W.B.; Jabot, F.; Rush, R.; et al. 2006. Measurement of biological information with applications from genes to landscapes. *Molecular Ecology* 15(10): 2857-2869.
- Spracklen, D.V.; García-Carreras, L. 2015. The impact of Amazonian deforestation on Amazon basin rainfall. *Geophysical Research Letters* 42(21): 9546-9552.
- Tijerino, A.; Callejas, L.; Cerda-Granados, D.A. 2016. Assessment of Genetic Diversity in Five Nicaraguan Populations of *Cedrela odorata* L. (Meliaceae) using RAPD Markers. *Encuentro* 103: 28-39.
- Wang, B.; Shi, L.; Ruan, Z.; et al. 2011. Genetic diversity and differentiation in *Dalbergia sissoo* (Fabaceae) as revealed by RAPD Genetic diversity and differentiation in *Dalbergia sissoo*. *Genetics and Molecular Research* 10(1): 114-120.
- Zou, X.; Zucca, C.P.; Waide, R.B.; et al. 1995. Long-term influence of deforestation on tree species composition and litter dynamics of a tropical rain forest in Puerto Rico. *Forest Ecology and Management* 78(1-3): 147-157.