

**UNIVERSIDAD NACIONAL
TORIBIO RODRÍGUEZ DE MENDOZA DE AMAZONAS**



**FACULTAD DE INGENIERÍA CIVIL Y AMBIENTAL
ESCUELA PROFESIONAL DE INGENIERÍA AMBIENTAL**

**TESIS PARA OBTENER
EL TÍTULO PROFESIONAL DE INGENIERA AMBIENTAL**

**DIVERSIDAD Y DISTRIBUCIÓN DE PAJUROS (*Erythrina*
spp., Fabaceae) EN AMAZONAS EMPLEANDO
MARCADORES MOLECULARES**

Autor(a): Bach. Gleny Florita Huamán Aguilar

**Asesores: Ph.D. Danilo Edson Bustamante Mostajo
Ph.D. Martha Steffany Calderón Ríos**

Registro ()

CHACHAPOYAS – PERÚ

2024

DEDICATORIA

A la energía suprema del universo, a la memoria inolvidable de mi madre Llobanita Aguilar Chávez quien con su humildad infinita me enseñó que el destino se alcanza con la fuerza de voluntad, a mi padre Robert Huamán por su apoyo, a mis hermanas Jhoana y Siara por estar siempre a mi lado y enseñarme la virtud de la paciencia a R. Emanuel Terrones por su comprensión, fuerza para poder culminar con este trabajo y a la Ph.D. Martha Steffany Calderón Ríos por su apoyo incondicional y por ser mi inspiración hacia el logro de mis objetivos.

Gleny Huamán Aguilar.

AGRADECIMIENTO

Agradezco a la vida, por enseñarme a valorar las cosas, los momentos, por enseñarme a que todo es posible con esfuerzo y disciplina.

A mis asesores Ph.D. Martha S. Calderón Ríos y Ph.D. Danilo E. Bustamante Mostajo por su tiempo, paciencia y dedicación que me permitieron el desarrollo de este proyecto, aún más agradezco su gran sentido de humanidad que me ayudaron a alcanzar esta meta a pesar de las situaciones que se me presentaron en el trayecto.

Al Instituto de Investigación para el Desarrollo Sustentable de Ceja de Selva (INDES-CES) y en especial al Laboratorio de Fisiología y Biotecnología Vegetal (FISIOBEG), al laboratorio de Biología Molecular y al proyecto SNIP N° 31611 “Creación de los servicios de un laboratorio de biodiversidad y conservación de recursos genéticos de especies silvestres de la universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza-Región Amazonas”, por brindarme la oportunidad de cumplir uno de mis sueños que era de conocer sobre investigación y por permitirme desarrollar el proyecto con el género *Erythrina*.

A Jani Mendoza Merino, Fernando Chuquizuta y demás personas que contribuyeron de una u otra forma en el desarrollo de este trabajo.

A todos ustedes que se interesaron en leer el presente trabajo, decirles que solo basta el primer paso en investigación para descubrir mundos maravillosos.

**AUTORIDADES DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL TORIBIO RODRÍGUEZ
DE MENDOZA DE AMAZONAS**

Ph.D. Jorge Luis Maicelo Quintana

Rector

Dr. Oscar Andrés Gamarra Torres

Vicerrector Académico

Dra. María Nelly Luján Espinoza

Vicerrectora de Investigación

Ph.D. Ricardo Edmundo Campos Ramos

Decano de la Facultad de
Ingeniería Civil y ambiental

VISTO BUENO DEL ASESOR DE TESIS



UNTRM

REGLAMENTO GENERAL
PARA EL OTORGAMIENTO DEL GRADO ACADÉMICO DE
BACHILLER, MAESTRO O DOCTOR Y DEL TÍTULO PROFESIONAL

ANEXO 3-L

VISTO BUENO DEL ASESOR DE TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

El que suscribe el presente, docente de la UNTRM (X)/Profesional externo (), hace constar que ha asesorado la realización de la Tesis titulada Diversidad y distribución de pajuros (Erythrina spp., Fabaceae) en Amazonas empleando marcadores moleculares del egresado Glory Florita Huamán Aguilar de la Facultad de Ingeniería Civil y Ambiental Escuela Profesional de Ingeniería Ambiental de esta Casa Superior de Estudios.

El suscrito da el Visto Bueno a la Tesis mencionada, dándole pase para que sea sometida a la revisión por el Jurado Evaluador, comprometiéndose a supervisar el levantamiento de observaciones que formulen en Acta en conjunto, y estar presente en la sustentación.



Chachapoyas, 03 de enero de 2024.

Firma y nombre completo del Asesor
David E. Bustamante Mastayo

VISTO BUENO DEL ASESOR DE TESIS



ANEXO 3-L

VISTO BUENO DEL ASESOR DE TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

El que suscribe el presente, docente de la UNTRM (X)/Profesional externo (), hace constar que ha asesorado la realización de la Tesis titulada Diversidad y distribución de pajuros (Erythrina spp., Fabaceae) en Amazonas empleando marcadores moleculares del egresado Gleny Florita Huamán Aguilar de la Facultad de Ingeniería Civil y Ambiental Escuela Profesional de Ingeniería Ambiental de esta Casa Superior de Estudios.

El suscrito da el Visto Bueno a la Tesis mencionada, dándole pase para que sea sometida a la revisión por el Jurado Evaluador, comprometiéndose a supervisar el levantamiento de observaciones que formulen en Acta en conjunto, y estar presente en la sustentación.

Chachapoyas, 03 de enero de 2024.




Firma y nombre completo del Asesor

Martha Stefany Calderón Pico

JURADO EVALUADOR DE LA TESIS



Ph.D. Ligia Magali García Rosero

Presidente



Mg. Jhonsy Omar Silva López

Secretario



M. Sc. Gino Alfredo Vergara Medina

Vocal

CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD DE LA TESIS



UNTRM

REGLAMENTO GENERAL
PARA EL OTORGAMIENTO DEL GRADO ACADÉMICO DE
BACHILLER, MAESTRO O DOCTOR Y DEL TÍTULO PROFESIONAL

ANEXO 3-Q

CONSTANCIA DE ORIGINALIDAD DE LA TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

Los suscritos, miembros del Jurado Evaluador de la Tesis titulada:

Diversidad y distribución de pajiros (*Erythrina* spp., Fabaceae)
en Amazonas empleando marcadores moleculares

presentada por el estudiante ()/egresado () Glenny Florita Huamán Aguilar
de la Escuela Profesional de Ingeniería Ambiental

con correo electrónico institucional 7246210172@untrm.edu.pe

después de revisar con el software Turnitin el contenido de la citada Tesis, acordamos:

- La citada Tesis tiene 21 % de similitud, según el reporte del software Turnitin que se adjunta a la presente, el que es menor () / igual () al 25% de similitud que es el máximo permitido en la UNTRM.
- La citada Tesis tiene _____ % de similitud, según el reporte del software Turnitin que se adjunta a la presente, el que es mayor al 25% de similitud que es el máximo permitido en la UNTRM, por lo que el aspirante debe revisar su Tesis para corregir la redacción de acuerdo al Informe Turnitin que se adjunta a la presente. Debe presentar al Presidente del Jurado Evaluador su Tesis corregida para nueva revisión con el software Turnitin.



Chachapoyas, 05 de Agosto del 2024

SECRETARIO

PRESIDENTE

VOCAL

OBSERVACIONES:

.....
.....

REPORTE TURNITIN

Informe de Tesis de Glenny Huamán Aguilar

INFORME DE ORIGINALIDAD

21 %	21 %	8 %	6 %
INDICE DE SIMILITUD	FUENTES DE INTERNET	PUBLICACIONES	TRABAJOS DEL ESTUDIANTE

FUENTES PRIMARIAS

1	hdl.handle.net Fuente de Internet	6 %
2	repositorio.untrm.edu.pe Fuente de Internet	4 %
3	Submitted to Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas Trabajo del estudiante	1 %
4	www.idt.unisg.ch Fuente de Internet	1 %
5	expeditiorepositorio.utadeo.edu.co Fuente de Internet	1 %
6	www.fedarch.org Fuente de Internet	<1 %
7	repository.ut.edu.co Fuente de Internet	<1 %
8	studenti.unina2.it Fuente de Internet	<1 %
9	cybertesis.unmsm.edu.pe Fuente de Internet	

Glenny Huamán Aguilar
Glenny Huamán Aguilar, PhD
(Presidenta)

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE LA TESIS



ANEXO 3-S

ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PARA OBTENER EL TÍTULO PROFESIONAL

En la ciudad de Chachapoyas, el día 16 de agosto del año 2024, siendo las 16:04 horas, el aspirante: Bachiller Gleny Florita Huamán Aguilar, asesorado por Ph.D. Danilo Edson Bustamante Mostajo y Ph.D. Martha Steffany Calderon Rios defiende en sesión pública presencial () / a distancia () la Tesis titulada: Diversidad y distribución de pajuros (Erythrina spp, Fabaceae) en Amazonas empleando marcadores moleculares, para obtener el Título Profesional de Ingeniera Ambiental, a ser otorgado por la Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas; ante el Jurado Evaluador, constituido por:

Presidente: Ph.D. Ligia Magali Garcia Rosero
Secretario: Mg. Jhansy Omar Silva Lopez
Vocal: M.Sc. Gino Alfredo Vergara Medina

Procedió el aspirante a hacer la exposición de la Introducción, Material y métodos, Resultados, Discusión y Conclusiones, haciendo especial mención de sus aportaciones originales. Terminada la defensa de la Tesis presentada, los miembros del Jurado Evaluador pasaron a exponer su opinión sobre la misma, formulando cuantas cuestiones y objeciones consideraron oportunas, las cuales fueron contestadas por el aspirante.

Tras la intervención de los miembros del Jurado Evaluador y las oportunas respuestas del aspirante, el Presidente abre un turno de intervenciones para los presentes en el acto de sustentación, para que formulen las cuestiones u objeciones que consideren pertinentes.

Seguidamente, a puerta cerrada, el Jurado Evaluador determinó la calificación global concedida a la sustentación de la Tesis para obtener el Título Profesional, en términos de:

Aprobado () por Unanimidad () / Mayoría () Desaprobado ()

Otorgada la calificación, el Secretario del Jurado Evaluador lee la presente Acta en esta misma sesión pública. A continuación se levanta la sesión.

Siendo las 16:48 horas del mismo día y fecha, el Jurado Evaluador concluye el acto de sustentación de la Tesis para obtener el Título Profesional.

SECRETARIO

PRESIDENTE

VOCAL

OBSERVACIONES:

ÍNDICE

RESUMEN	xvi
ABSTRACT.....	xvii
I. INTRODUCCIÓN.....	18
II. MATERIALES Y MÉTODOS.....	21
2.1. Análisis molecular.....	22
2.1.1. Preparación de las muestras.....	22
2.1.2. Extracción de ADN.....	22
2.1.3. Amplificación del ADN.....	25
2.1.4. Purificación y amplificación del ADN	27
2.2. Análisis de la diversidad de <i>Erythrina</i> spp.	28
2.2.1. Análisis Filogenético	28
2.2.2. Distancias genéticas.....	29
2.2.3. Análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad	29
2.2.4. Análisis de red de haplotipos (Networks) y conectividad genética	29
2.3. Análisis de distribución de <i>Erythrina</i> spp.....	30
2.3.1. Datos de presencia de la especie.....	30
2.3.2. Variables ambientales	30
2.3.3. Modelado de distribución de especies	31
2.3.4. Identificación de áreas con potencial para conservación.....	32
III. RESULTADOS	34
3.1. Análisis de diversidad de <i>Erythrina</i> spp.	34
3.1.1. Análisis filogenético	34
3.1.2. Distancias genéticas.....	44
3.1.3. Análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad	46
3.1.4. Estructura genética de las poblaciones	48
3.1.5. Análisis de red de haplotipos	54
3.2. Análisis de distribución de <i>Erythrina</i> spp.....	60
IV. DISCUSIÓN.....	65
V. CONCLUSIONES.....	70
VI. RECOMENDACIONES	72
VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	73
VIII. ANEXOS	82

ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Primers que se utilizaron para la amplificación del ADN de las muestras de <i>Erythrina</i> spp.	25
Tabla 2. Cantidades de reactivos para la amplificación por PCR.....	26
Tabla 3. Protocolo de amplificación por PCR de los marcadores plastidiales <i>matK</i> y <i>trnL-trnF</i>	27
Tabla 4. Variables ambientales (bioclimáticas, topográficas y edáficas), usadas en la predicción mediante modelación en Maxent.	33
Tabla 5. Comparación por pares de los grupos genéticos identificados en el árbol filogenético para el marcador <i>trnL - trnF</i> . El mayor valor y los menores valores de divergencia genética se muestran en negrita.....	44
Tabla 6. Comparación por pares de los grupos genéticos identificados en el árbol filogenético para el marcador <i>matK</i> . El mayor valor y los menores valores de divergencia genética se muestra en negrita.....	45
Tabla 7. Tabla de diversidad genética de <i>Erythrina</i> sp. recolectadas de la región Amazonas con el marcador molecular <i>trnL-trnF</i> . *n: Número de secuencias; s: Número de sitios segregantes h: Número de haplotipos; Hd: Diversidad de Haplotipos; K: Número medio de diferencias por pares; Di: diversidad de nucleótidos; PiJC: Diversidad de nucleótidos JC.	47
Tabla 8. Tabla de diversidad genética de <i>Erythrina</i> sp. recolectadas de la región Amazonas con el marcador molecular <i>matK</i> . *n: Número de secuencias; s: Número de sitios segregantes h: Número de haplotipos; Hd: Diversidad de Haplotipos; K: Número medio de diferencia por pares; Pi: Diversidad de nucleótidos; PiJC: Diversidad de nucleótidos con JC.	48
Tabla 9. Análisis por pares (Fst) de las poblaciones de <i>Erythrina</i> spp. de la Región Amazonas.....	49
Tabla 10 .Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) global aplicado a grupos de individuos de <i>Erythrina</i> usando el marcador <i>trnL-trnF</i> . Grupo 1: Amazonas, grupo 2: América, África, grupo 3: Islas del pacífico, Asia Oriental-Oceanía.	50
Tabla 11. Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) regional aplicado a grupos de <i>Erythrina</i> spp.usando el marcador <i>trnL-trnF</i>	51

Tabla 12. Análisis por pares (Fst) de las poblaciones de <i>Erythrina</i> spp. de la Región Amazonas.....	51
Tabla 13. Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) global aplicado a grupos de individuos de <i>Erythrina</i> usando el marcador <i>matK</i> . Grupo 1: región Amazonas; grupo 2: México, Brasil, Costa Rica, Cuba, Ecuador, República Dominicana, Perú, otros países de América, África; grupo 3: Islas del pacífico, Asia.....	52
Tabla 14. Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) regional aplicado a grupos de <i>Erythrina</i> usando el marcador <i>matK</i>	53
Tabla 15. Distribución de haplotipos en las poblaciones de Amazonas para el marcador molecular <i>trnL-trnF</i>	55
Tabla 16. Distribución de haplotipos en las poblaciones de Amazonas para el marcador molecular <i>matK</i>	58
Tabla 17. Variables ambientales (bioclimáticas, topográficas y edáficas), usadas en la predicción mediante modelación en Maxent, en negrita las variables con mayor contribución porcentual al modelo, por ende, las más importantes.	61
Tabla 18. Área de distribución potencial total prevista que se encuentra protegida bajo las modalidades de Área Natural Protegida para el género <i>Erythrina</i>	64
Tabla 19. Provincias de Amazonas con área potencial de recuperación de áreas degradadas con el género <i>Erythrina</i> en Amazonas.....	64

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Mapa de ubicación de área de estudio.....	21
Figura 2. Diagrama del protocolo de extracción de ADN de las muestras de <i>Erythrina</i> spp.....	24
Figura 3. Protocolo de preparación de geles para la electroforesis y visualización de bandas de ADN de <i>Erythrina</i> spp.....	25
Figura 4. Preparación de las muestras para la amplificación por PCR.....	26
Figura 5. Resultados de la PCR de muestras de <i>Erythrina</i> spp.	27
Figura 6. Protocolo de purificación de ADN de las muestras de <i>Erythrina</i> spp.....	28
Figura 7. Árbol filogenético obtenido del marcador <i>trnL-trnF</i> muestra los individuos estudiados en Amazonas y los descargados de Genbank. Por encima de las ramas se muestran los valores de bootstrap de máxima verosimilitud / probabilidad posterior bayesiana.....	36
Figura 8. Árbol filogenético obtenido del marcador <i>matK</i> muestra los individuos estudiados en Amazonas y los descargados de Genbank. Por encima de las ramas se muestran los valores de bootstrap de máxima verosimilitud / probabilidad posterior bayesiana.....	39
Figura 9. Árbol filogenético obtenido de la data concatenada de los marcadores <i>trnL-trnF</i> y <i>matK</i> muestra los individuos estudiados en Amazonas y los descargados de Genbank. Por encima de las ramas se muestran los valores de bootstrap de máxima verosimilitud / probabilidad posterior bayesiana.....	42
Figura 10. Imágenes de <i>Erythrina</i> spp. colectadas en Amazonas. (A) <i>Erythrina</i> sp. 4 (IE57) colectada en la provincia de Rodríguez de Mendoza-Milpúc (B) <i>Erythrina</i> sp.3 (IE58) colectada en la provincia de Rodríguez de Mendoza- Milpúc; (C) <i>Erythrina</i> sp.6 (IE56) colectada en la provincia de Rodríguez de Mendoza-Milpúc; (D) <i>Erythrina</i> sp.2 (IE59) colectada en la provincia de Chachapoyas-El molino; (E) <i>Erythrina</i> sp.8 (IE60) colectada en la provincia de Chachapoyas.	43
Figura 11. Valoración de <i>Fst</i> propuesta por Wrigh (1951): 0 – 0.05 (Rojo)= poca diferenciación, de 0.05 – 0.15(Amarillo)= moderada, de 0.15 – 0.25(Verde)= alta; y > 0.25 muy alta (Naranja).	49

Figura 12. Valoración de F_{st} propuesta por Wrigth (1951): 0 – 0.05 (Rojo)= poca diferenciación, de 0.05 – 0.15(Amarillo)= moderada, de 0.15 – 0.25(Verde)= alta; y > 0.25 muy alta (Naranja).	52
Figura 13. Red de haplotipos de las poblaciones de <i>Erythrina</i> spp. en la región Amazonas. Se observa en las elipses de colores lo grupos genéticos identificados en el árbol filogenético de <i>trnL-trnF</i> . Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales.	55
Figura 14. Red de haplotipos global (Individuos de Amazonas+ secuencias del Genbank). Las elipses de colores encierran al haplotipo identificado en la región Amazonas, así mismo, se menciona el grupo genético al que corresponden. Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales.	56
Figura 15. Red de haplotipos de las poblaciones de <i>Erythrina</i> spp. en la región Amazonas. Se observa en las elipses de colores lo grupos genéticos identificados en el árbol filogenético de <i>matK</i> . Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales.	58
Figura 16. Red de haplotipos global (Individuos de Amazonas+ secuencias de Genbank). Las elipses de colores encierran al haplotipo identificado en la región Amazonas, así mismo, se menciona el grupo genético al que corresponden. Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales	59
Figura 17. Curva de características operativas del receptor (ROC).	60
Figura 18. Resultados de la prueba <i>Jackknife</i> de importancia variable.	61
Figura 19. Probabilidad de ocurrencia del género <i>Erythrina</i> spp. Curvas muestran cómo cada variable ambiental afecta la predicción de Maxent. La variable ambiental con mayor ganancia, cuando se usa de forma aislada, fue el rango de temperatura anual (bio07). La variable ambiental que más disminuyó la ganancia cuando se omite fue el pH.....	61
Figura 20. Mapa de distribución potencial de hábitat del género <i>Erythrina</i> , tanto para áreas para conservación como para restauración de áreas degradadas en la región Amazonas.....	63

RESUMEN

El género *Erythrina* (Fabaceae) presenta un alto valor alimenticio y ecológico, pero a pesar de ello, el conocimiento sobre la diversidad y distribución de estos árboles aún es incipiente. En este sentido, el presente estudio evaluó la diversidad de *Erythrina* spp. en Amazonas empleando marcadores moleculares y la distribución de estas mediante el modelo *Maxent*. Para ello, con los marcadores moleculares *trnL-trnF* y *matK* se analizaron 40 muestras y se evaluó la distribución. Los análisis revelaron 12 grupos genéticos (*trnL-trnF*), 11 (*matK*) y 10 (*trnL-trnF*+ *matK*), donde Chachapoyas presentó mayor cantidad de grupos genéticos. Las poblaciones mostraron altos valores de diversidad haplotípica para ambos marcadores (*trnL-trnF* Hd= 0.75 y *matK* Hd=0.72), y una alta conectividad genética (*trnL-trnF* Fst= 0.16 y *matK* Fst=0.1376). Así mismo, las redes de haplotipos mostraron que las poblaciones más recientes se ubican en Utcubamba. Por otro lado, se identificaron las áreas de distribución potencial teniendo un área de 1931.11km² (4.9%) de alta probabilidad de ocurrencia; un área de 1151.01 km² (2.9%) de moderada probabilidad; 2 485.55 km² (6.4%) de baja probabilidad. En base a estos resultados, se demostró la alta diversidad del género *Erythrina* en Amazonas y la alta variabilidad de estas asociadas a los factores climáticos, ambientales y biológicos, lo cual contribuye a la conservación y uso sostenible futura.

Palabras clave: Diversidad genética, *Erythrina*, *matK*, *Maxent*, *trnL-trnF*.

ABSTRACT

The genus *Erythrina* (Fabaceae) has a high nutritional and ecological value, but despite this, knowledge about the diversity and distribution of these trees is still incipient. In this sense, the present study evaluated the diversity of *Erythrina* spp. in Amazonas using molecular markers and their distribution using the Maxent model. To this end, 40 samples were analyzed with the molecular markers *trnL-trnF* and *matK* and the distribution was evaluated. The analyzes revealed 12 genetic groups (*trnL-trnF*), 11 (*matK*) and 10 (*trnL-trnF*+ *matK*), where Chachapoyas presented the greatest number of genetic groups. The populations showed high values of haplotypic diversity for both markers (*trnL-trnF* Hd= 0.75 and *matK* Hd=0.72), and high genetic connectivity (*trnL-trnF* *Fst*= 0.16 and *matK* *Fst*=0.1376). Likewise, the haplotype networks showed that the most recent populations are located in Utcubamba. On the other hand, potential distribution areas were identified, having an area of 1931.11 km² (4.9%) with a high probability of occurrence; an area of 1151.01 km² (2.9%) of moderate probability; 2 485.55 km² (6.4%) low probability. Based on these results, the high diversity of the genus *Erythrina* in Amazonas and the high variability of these associated with climatic, environmental and biological factors were demonstrated, which contributes to conservation and future sustainable use.

Keywords: *Erythrina* spp., Genetic diversity, *matK*, Maxent, *trnL-trnF*.

I. INTRODUCCIÓN

La familia Fabaceae constituye la tercera más diversa a nivel mundial y la segunda más importante económicamente (Velásquez *et al.*, 2019). Se caracteriza por tener su fruto en forma de legumbre, dehiscente seco producto de un ovario simple (Gómez, 2012). Dentro de la diversidad de especies de la familia Fabaceae destacan las pertenecientes al género *Erythrina* (Velásquez *et al.*, 2019) descritas por Linneo (1753) en base a la especie *Erythrina corallodendron*.

El origen de *Erythrina* spp. (Fabaceae) en el mundo no es muy claro, debido a que no se ha encontrado ningún registro fósil del género (Escamilo, 2012). Sin embargo, existen informes que consta de aproximadamente 128 especies (Catalogue of Life, 2021), en su mayoría árboles y arbustos distribuidos en áreas tropicales y subtropicales principalmente en América y un menor número de taxones en África y Asia (De Luca *et al.*, 2018, GBIF, 2021). Las especies de este género son consideradas de uso múltiple por su utilidad ornamental en zonas de clima cálido (Dhakad *et al.*, 2020), por ser fuente de alimento, por su valor ecológico debido a su capacidad de fijar nutrientes al suelo y de prevenir la erosión de los mismos (Escamilo, 2012) y, gracias al color llamativo característico en flores y semillas, atraen a una gran diversidad de aves, mariposas y abejas, lo cual contribuye al aumento de la polinización de las especies a las que se encuentra asociadas (Velásquez *et al.*, 2019).

En Perú, el género *Erythrina* está compuesto por 15 especies distribuidas principalmente en los departamentos de Amazonas, Ancash, Cajamarca, Huánuco y La Libertad (GBIF, 2021). *Erythrina edulis* comúnmente llamado “pajuro” o “poruto” es el más conocido y única especie comestible, y es la especie más versátil del género, ya que tiene un espectro amplio de uso (Arango *et al.*, 2012). Esta especie es considerada una planta promisoría, multipropósito, que se encuentra incluida en el catálogo de plantas encaminadas a los procesos de seguridad alimentaria (Velásquez *et al.*, 2019). Sus usos abarcan desde la alimentación humana y animal con un alto contenido de hierro, vitamina B1, B2, B3, C y calcio (de Haan *et al.*, 2021), cercos vivos y de sombrío (Escamilo, 2012), sus hojas, flores y raíces son usadas como diuréticos, hipoglucemiantes y anticonceptivo (Escamilo, 2012) e incluso en la recuperación de suelos degradados. Por otro lado, la especie *E. crista-galli* es utilizada como fitodegradadora en suelos contaminados por petróleo (De Farias *et al.*, 2009).

A pesar de los usos que tienen las especies de *Erythrina*, los estudios realizados a este género son muy escasos (Velásquez *et al.*, 2019) y no existen estudios que confirmen que el valor alimenticio del árbol denominado pajuro incluye sólo a *E. edulis* o si involucran a más especies del género. En la región Amazonas se ha registrado taxonómicamente la presencia de seis especies: *E. edulis* Micheli, *E. peruviana* Krukoff, *E. poeppigiana*, *E. schimpfii* Diels, *E. ulei* Daños y *E. velutina* Willd, (GBIF 2021), sólo reportadas en las provincias de Bagua, Condorcanqui y Rodríguez de Mendoza; y son llamadas comúnmente huayruru, pajuro o lope. La limitada información, tanto de diversidad como de distribución de las especies del género, obstaculiza la implementación de futuros planes de conservación y su uso sostenible (Botstein *et al.*, 1980; Fernández, 2010).

La identificación tradicional del género *Erythrina* se basa en caracteres morfológicos comunes entre sus especies (Arif *et al.*, 2010), requieren de protocolos únicos para el recojo de muestras y de taxónomos experimentados para su identificación (Abd El-Ghani *et al.*, 2021). Sin embargo, los caracteres morfológicos a menudo presentan plasticidad dentro de una misma especie y generalmente son influenciados o afectados por factores ambientales (Cai *et al.*, 1999). Esto puede llevar a un consumo de tiempo en la determinación de los taxa e inclusive a no alcanzar el nivel taxonómico de especie durante la identificación (Abd El-Ghani *et al.*, 2021). De este modo, la incursión de marcadores basados en ADN en el análisis de la diversidad de especies ha contribuido a establecer una taxonomía integradora y certera (Bermúdez-Torres *et al.*, 2021). Estas metodologías han cambiado las prácticas tradicionales de identificación (Botstein *et al.*, 1980), proporcionando una gama de técnicas de modo que la identificación de especies sea fácil y fiable (Arif *et al.*, 2010).

Entre las técnicas basadas en marcadores moleculares se encuentra el DNA barcoding (también conocido como el código de barras del ADN) (Friedheim, 2016). Esta técnica es precisa, rápida, confiable y aplicable a pequeñas cantidades de muestras de interés (Dudu *et al.*, 2016) que ayuda a dilucidar la identificación de especies (Veldmana *et al.*, 2020). Entre los marcadores moleculares ampliamente utilizados como barcodes en la familia Fabaceae están los de origen nuclear (ITS2) y plastidial (*rbcL*, *matK*) (De Luca *et al.*, 2018). Otros marcadores plastidiales que han confirmado su utilidad en la distinción de estas especies son los genes *rpoC1* y *rpoC2* (Kazempour-Osaloo *et al.*, 2005). Así mismo, el marcador *ycf1* exhibe un 98,17% de éxito en la amplificación de angiospermas (Dong *et al.*, 2015) y finalmente el marcador universal *trnL-trnF* con éxito en la mayoría

de plantas (Taberlet et al.,1991). Esto confirma la gran utilidad de los marcadores plastidiales (*rbcL*, *ycf1* y *rpoC*, *matK* y *trnL-trnF*) en la distinción de especies en la familia de Fabaceae (Moghaddam, 2020).

Por otro lado, estudios observacionales han demostrado que, en los últimos años, el cambio climático está modificando algunas características morfológicas, fenológicas y rangos de distribución de las especies, acelerando así la extinción o la perpetuidad de éstas (Lenoir *et al.*, 2008). En ese sentido, el modelado de distribución de especies, que utiliza métodos estadísticos o biofísicos en función de las variables ambientales conocidas, ayuda a inferir parámetros ambientales óptimos para la supervivencia de una especie, para luego predecir su distribución potencial o futura (Elith y Leathwick, 2019; Moura *et al.*, 2019). En la actualidad, uno de los modelos más utilizados es el modelo de máxima entropía (*Maxent*), modelo que se usa generalmente para medir y predecir especies de plantas peculiares y en peligro de extinción (Du *et al.*, 2021)

En este sentido, el objetivo del presente estudio buscó evaluar la diversidad y distribución de pajuros (*Erythrina* spp., Fabaceae) en Amazonas empleando los marcadores moleculares *matK* y *trnL-trnF*. Adicionalmente, se determinó la distribución de pajuros en la Región Amazonas con la finalidad de cerrar brechas en los vacíos de información y se puedan generar planes de conservación y uso sostenible futuros de esta especie de alto valor forestal, alimenticio, económico, entre otros

II. MATERIALES Y MÉTODOS

El presente trabajo se realizó en la región Amazonas, el cual presenta ocho tipos de clima, con predominancia de climas cálidos y templados lluviosos, con alta presencia humedad durante todo el año y con una altitud de 100- 3000 msnm (SENAMHI, 2021). Al norte de la región, durante todas las estaciones del año, existen zonas muy lluviosas y húmedas que varían de cálido a templado; la zona centro occidental cuenta con climas cálidos, templados y semisecos con una menor presencia de humedad; mientras que, la parte sur cuenta con un clima frío, muy lluvioso con disponibilidad de humedad durante todo el año (SENAMHI, 2021). Las muestras del género *Erythrina* se colectaron en un total de 84 puntos distribuidos en las provincias de Bagua, Bongará Chachapoyas, Luya, Rodríguez de Mendoza y Utcubamba (Figura 1). Para el análisis molecular se colectaron hojas jóvenes. Así mismo, se colectaron hojas, flores y frutos para posteriores registros de características morfológicas. Para el análisis de distribución potencial, además de utilizar los puntos de colecta derivados de este estudio, se incluyeron puntos obtenidos de la base de datos Global Biodiversity Information Facility (GBIF).

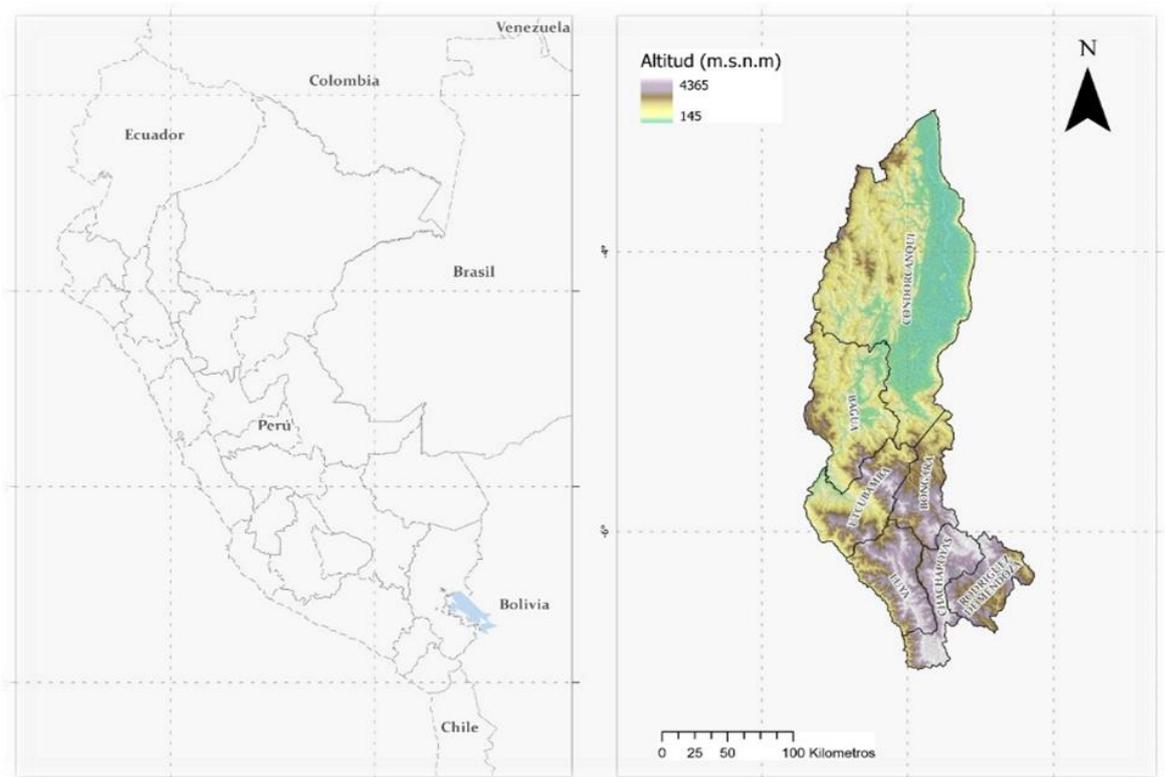


Figura 1. Mapa de ubicación de área de estudio.

2.1. Análisis molecular

2.1.1. Preparación de las muestras

Se realizó la preparación de las hojas jóvenes de *Erythrina* spp. colectadas, utilizando un estereoscopio (Labtech, Linitron), agua destilada, pincel, papel toalla para la limpieza de impurezas. Posteriormente con la ayuda del bisturí y de una pinza, se cortó la muestra en fragmentos pequeños de 3 cm² entre las nervaduras, los mismos que, se depositaron en un microtubo de 2 mL y se sumergieron en nitrógeno líquido para ser triturado en el equipo de congelación y aplastamiento (Disruptor SK-10, Japón).

2.1.2. Extracción de ADN

Para la extracción del ADN genómico se usó el kit NucleoSpin Plant II (Macherey-Nagel, Düren, Alemania) siguiendo las instrucciones del fabricante (Figura 2).

El protocolo que se utilizó consistió en:

a. Lisis Celular

Para realizar la ruptura de las células se agregó a la muestra 600 microlitros de Buffer PL1, y 10 µl de ARNasa para la eliminación del ARN de la muestra, se dejó incubar por 2 horas a una temperatura de 65 °C, agitando la muestra periódicamente cada 20 minutos.

b. Filtración del lisado

Se centrifugó a 11 000 rpm x 1 min, a la par se preparó la columna con un tubo colector de 2 mL con el filtro morado, y se etiquetó.

Se recogió el sobrenadante del centrifugado anterior, y se depositó sobre el filtro morado, posteriormente se centrifugó nuevamente a 11 000 rpm x 1 min se desechó el filtro y se conservó el flujo.

c. Unión del ADN al filtro de sílice

Se preparó nuevamente la columna con el colector de 2 mL y con filtro de color verde, posteriormente al lisado filtrado anteriormente, se añadió 450 µl de buffer PC, se homogenizó con un pipeteo lento y se cargó este flujo a la columna verde ya preparada, se centrifugó a 11 000 rpm x 1 min, se desechó el flujo del tubo colector y se conservó el filtro.

d. Lavado del filtro de ADN

- **Lavado 1:** Se agregó 400 μ l de PW1 a la columna (Filtro verde + colector), se centrifugó a 11 000 rpm x 1 min, se desechó el flujo del colector, se secó en papel toalla y se volvió a colocar el filtro.
- **Lavado 2:** Se agregó 500 μ l de PW2 nuevamente a la columna (Filtro verde + colector), se centrifugó a 11 000 rpm x 1 min, se desechó el flujo del colector, se secó en papel toalla y se volvió a colocar el filtro.
- **Lavado 3:** Finalmente, se agregó 300 μ l de PW2 a la columna (Filtro verde + colector), se centrifugó a 11 000 rpm x 2 min, se desechó el flujo del colector, se transfirió el filtro a un tubo de 1.5 mL, se dejó destapado por 1 min, luego se centrifugó la columna con el filtro tapado a 11 000 rpm x 2 min.

e. Obtención del ADN

Al comenzar el proceso de extracción de ADN, se dejó incubando el Buffer Elution (BE) a 65°C por aproximadamente 5 minutos. Se añadió posteriormente, a la columna con el filtro verde, 45 μ l de BE, se dejó por 1.5 min a temperatura ambiente con el filtro tapado y se centrifugó a 11 000 rpm x 3 minutos. Este paso se realizó dos veces, obteniendo finalmente una cantidad de 90 μ l de muestra.

Luego, la calidad del ADN extraído se determinó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1% (Figura 3) y luego se guardó en el ultracongelador a -80°C para su conservación

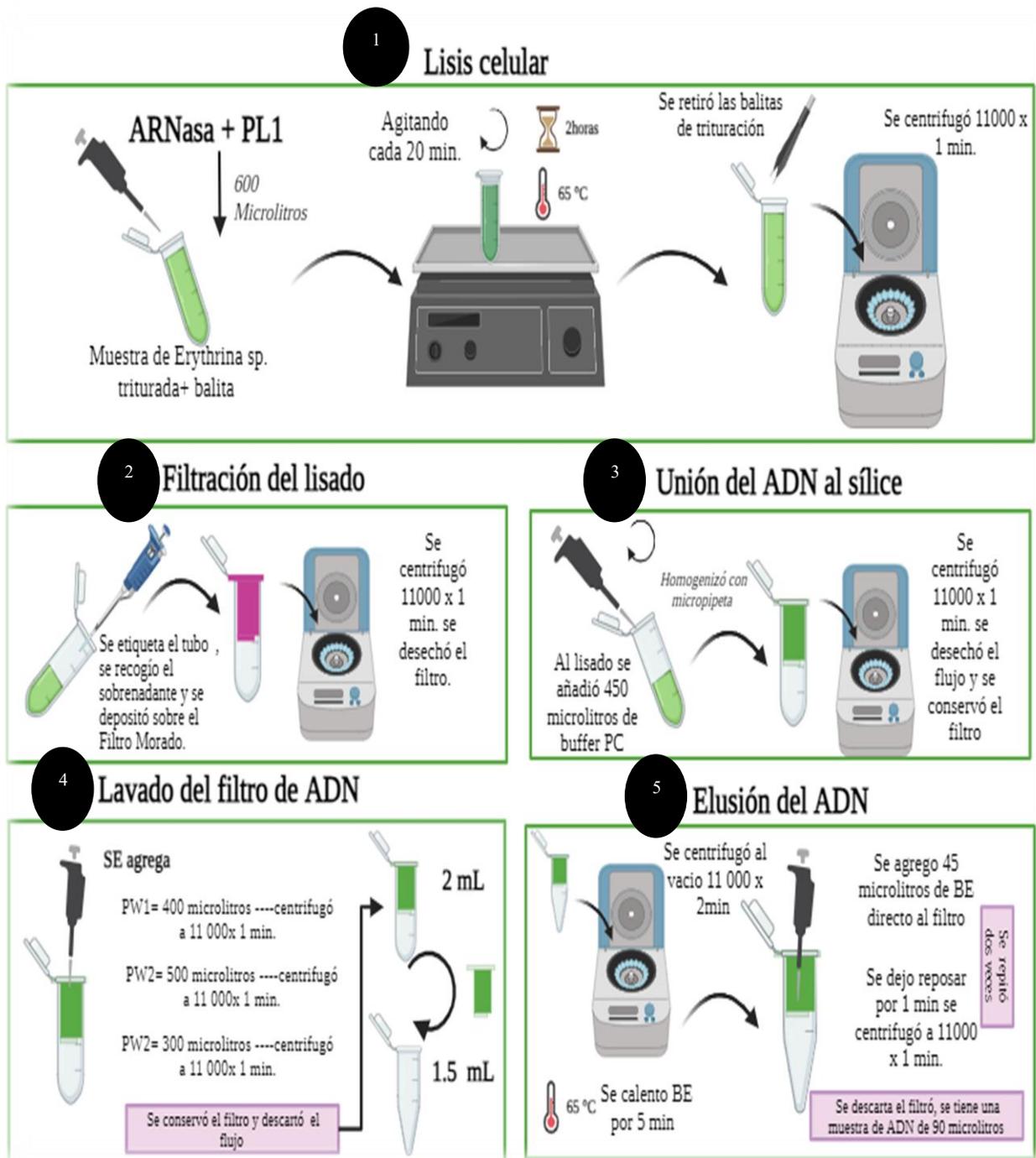


Figura 2. Diagrama del protocolo de extracción de ADN de las muestras de *Erythrina* spp.

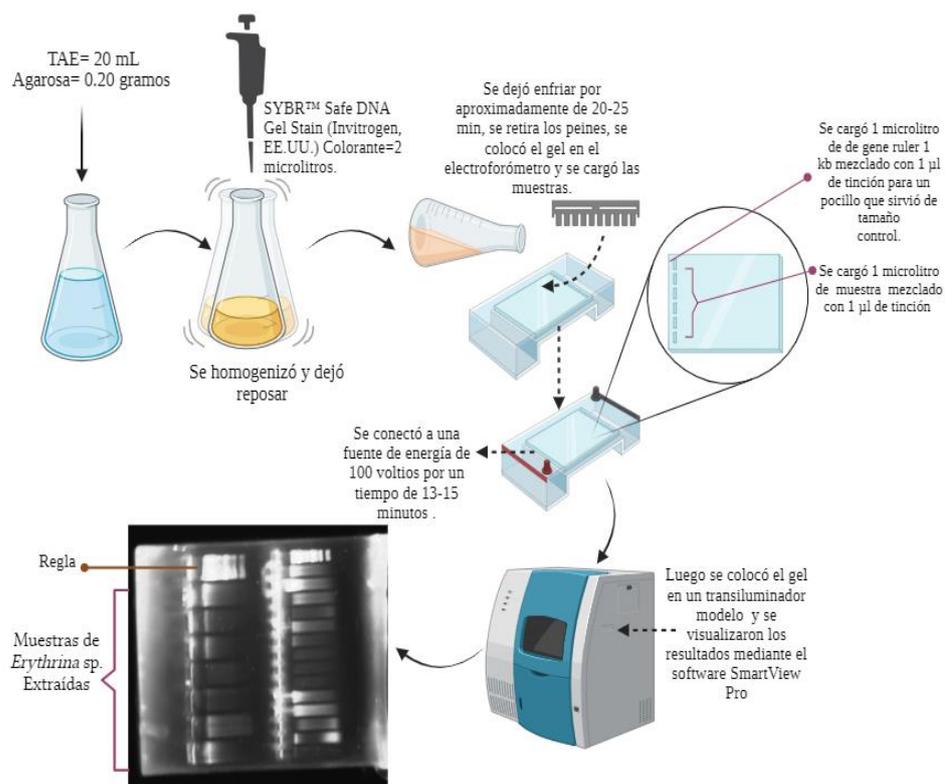


Figura 3. Protocolo de preparación de geles para la electroforesis y visualización de bandas de ADN de *Erythrina* spp.

2.1.3. Amplificación del ADN

La amplificación del ADN se realizó mediante la reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los marcadores plastidiales seleccionados fueron *matK* y *trnL-trnF*, los cuales fueron amplificados utilizando los primers propuestos por De Luca *et al.* (2018) para *matK* y Taberlet *et al.* (1991) para *trnL-trnF*. (Tabla 1).

Tabla 1. Primers que se utilizaron para la amplificación del ADN de las muestras de *Erythrina* spp.

Nombre del primer	Dirección	Secuencia del primer (5'-3')
<i>matK_3F</i>	Forward	CGTACAGTACTTTTGTGTTTACGAG
<i>matK_1R</i>	Reverse	ACCCAGTCCATCTGGAAATCTTGTTTC
<i>trnL-trnF_e</i>	Forward	GGTTCAAGTCCCTCTATCCC
<i>trnL-trnF_f</i>	Reverse	ATTTGAAGTGGTGACACGAG

a. Condiciones experimentales

La PCR se llevó a cabo utilizando las mezclas de reacción con un volumen de 10 μl (Tabla 2), con las condiciones experimentales de la Figura 4, siguiendo el protocolo de amplificación de la Tabla 3.

Tabla 2. Cantidades de reactivos para la amplificación por PCR.

Reactivos	<i>trnL-trnF</i> y <i>matK</i>
Mastermix	5 μl
H ₂ O	2.6 μl
Forward	0.2 μl
Reverse	0.2 μl
ADN genómico	2 μl
Total	10 μl

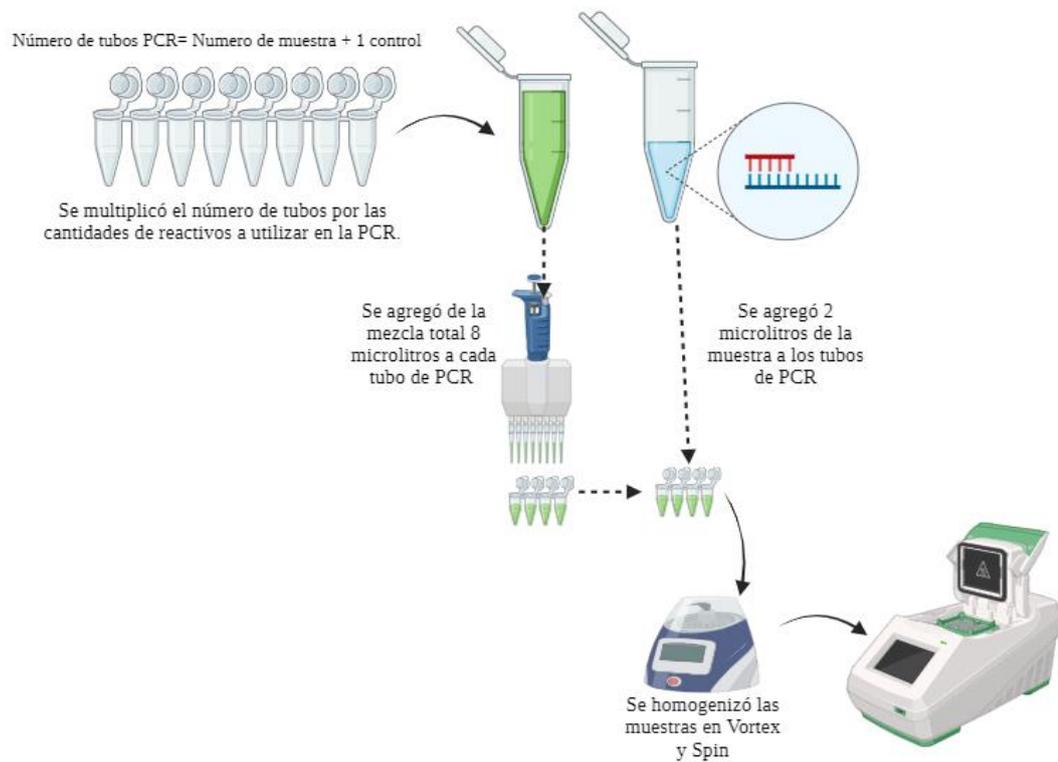


Figura 4. Preparación de las muestras para la amplificación por PCR.

Tabla 3. Protocolo de amplificación por PCR de los marcadores plastidiales *matK* y *trnL-trnF*.

Proceso	<i>matK</i>		<i>trnL-trnF</i>	
	Temperatura	Tiempo	Temperatura	Tiempo
Pre desnaturalización	95°C	300s	95°C	300s
Desnaturalización	95°C	60 s	95°C	30s
Recocido	54°C	40s	52°C	30s
Extensión	72°C	60s	72°C	180s
Extensión final	72°C	300s	72°C	300s
Preservación	12°C	α	12°C	α

Por otro lado, la calidad de la amplificación por PCR se verificó mediante electroforesis con gel de agarosa al 1%, sumergido en tampón Tris-borato 1X. La cámara de electroforesis usó un voltaje de 100V durante 15 minutos (Figura 5).

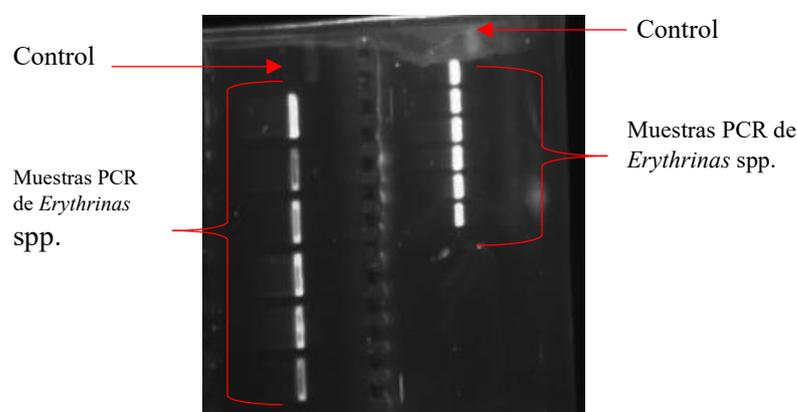


Figura 5. Resultados de la PCR de muestras de *Erythrina* spp.

2.1.4. Purificación y amplificación del ADN

La purificación de los amplicones generados por el PCR se realizó utilizando el kit NucleoSpin Gel and PCR Clean-up (Macherey-Nagel, Düren, Alemania), siguiendo las instrucciones del fabricante (Figura 6). Las secuencias de forward y reverse para los marcadores plastidiales fueron secuenciados comercialmente por Macrogen (Seúl, Corea del Sur) utilizando los mismos primers de amplificación.

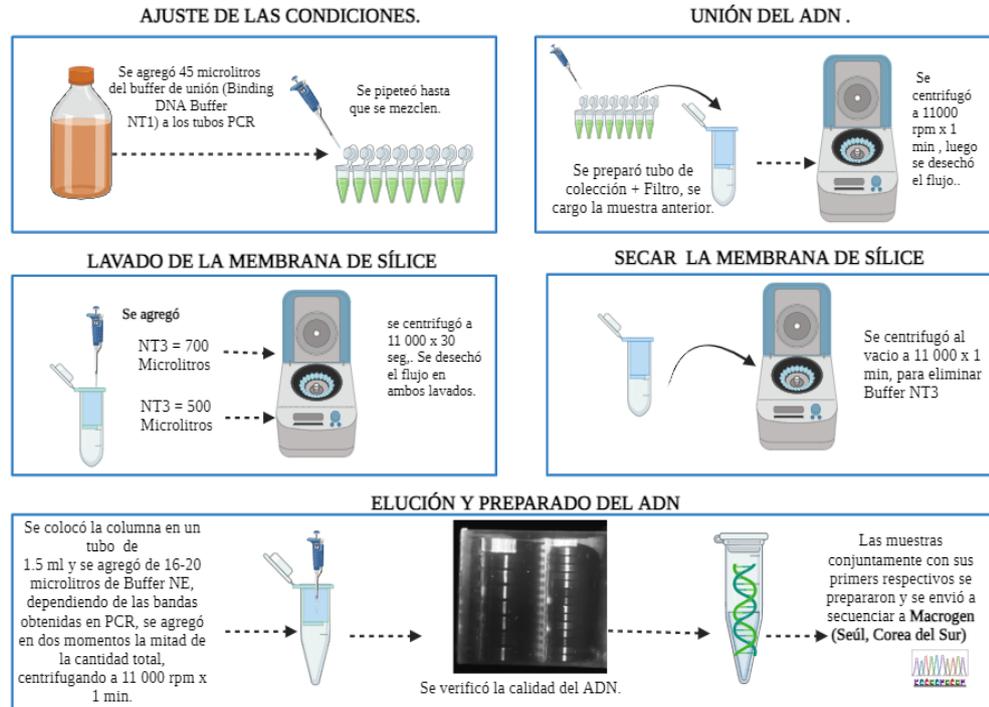


Figura 6. Protocolo de purificación de ADN de las muestras de *Erythrina spp.*

2.2. Análisis de la diversidad de *Erythrina spp.*

2.2.1. Análisis Filogenético

Los cromatogramas se editaron en Chromas v.2.6.6 (Flaga, 2021). Las nuevas secuencias generadas de *matK* (38 secuencias) y *trnL-trnF* (40 secuencias) se depositaron en GenBank. Estas secuencias y otras secuencias homólogas a cada marcador de GenBank se alinearon con el algoritmo MUSCLE (Edgar, 2004) y se ajustaron manualmente con el software MEGA7 (Kumar et al., 2016). En cuanto a los análisis filogenéticos, la selección del modelo de evolución se determinó usando PartitionFinder v. 2.1.1 (Lanfear *et al.*, 2016). Se usó el método Maximum likelihood mediante el programa RaxML GUI v. 2.0.0 beta 10 (Edler *et al.*, 2019), con 1 000 réplicas de bootstrap, usando el modelo GTR+G+I para *matK* y GTR+G para *trnL-trnF* y GTR+G para la data concatenada de *trnL-trnF* y *matK*. Para el cálculo de inferencia Bayesiana (BI) se utilizó el software MrBayes v. 3.2.5 (Ronquist et al., 2012), usando el modelo GTR+G para ambos marcadores y para la data concatenada, con una corrida de 10 000 000 de generaciones. Estos modelos permitieron la construcción de los árboles filogenéticos para cada marcador y un árbol filogenético concatenado para ambos marcadores.

2.2.2. Distancias genéticas

Se calculó las distancias genéticas por pares para evaluar las divergencias genéticas entre los individuos de los grupos genéticos de *Erythrina* sp. Se obtuvieron los valores de distancia genética mediante el software MEGA7 (Wickham, 2016).

2.2.3. Análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad

Para realizar análisis de diversidad genética se usó el programa software DNA Sequences Polymorphism (DnaSP) v. 5.1 (Zhan et al., 2021) para calcular el número de haplotipos (n), la frecuencia haplotípica, el número de sitios polimórficos (S) y el número promedio de diferencias de nucleótidos (k). También se estimaron los parámetros de diversidad genética, entre ellos diversidad haplotípica (DH) y diversidad de nucleótidos (π), y para las pruebas de neutralidad D de Tajima (Tajima, 1983), D^* y F^* de Fu y Li (Fu & Li. 1993), que permiten evaluar si el patrón de polimorfismo observado en las secuencias corresponde con lo esperado bajo la teoría neutral de la evolución molecular. Los análisis fueron realizados para los genes individuales.

2.2.4. Análisis de red de haplotipos (Networks) y conectividad genética

El análisis de las relaciones entre los haplotipos de *Erythrina* spp. se realizó con el método de la red de unión mediana (MJ networks) utilizando el software PopArt v1.7 (Leigh & Bryant, 2015). Este método permitió establecer relaciones entre los haplotipos identificados para las poblaciones de la Región Amazonas y aquellos descargados de la base de datos Genbank. El análisis del nivel de conectividad genética entre las poblaciones de *Erythrina* spp. se determinó calculando los valores de correlación entre distancias genéticas mediante el índice de fijación (F_{st}) (Ponce et al., 2021). Además, con el uso de ARLEQUIN v. 3.5.1.2 se determinó la estructura genética de las poblaciones con el uso del análisis molecular de varianza (AMOVA) (Guernaoui *et al.*, 2020).

2.3. Análisis de distribución de *Erythrina* spp.

2.3.1. Datos de presencia de la especie

Tras confirmar mediante análisis molecular la presencia *Erythrina* spp. en Amazonas, se realizó un mapa de distribución. Para ello, se tomaron los datos de presencia de *Erythrina* spp., de un total de 84 puntos de colecta procedentes de Bagua (3), Bongará (5), Chachapoyas (42), Luya (18), Rodríguez de Mendoza (12) y Utcubamba (4). También se tomaron 27 puntos de presencia de *Erythrina* spp. en Amazonas de la base de datos Global Biodiversity Information Facility (GBIF, <https://www.gbif.org/>). Posteriormente, los datos se sistematizaron mediante la hoja de cálculo Microsoft Excel, considerando latitud y longitud de las coordenadas en UTM. Además, se siguió la metodología aplicada por Cotrina *et al.*, (2021) para recopilar y homogenizar la cartografía para variables ambientales, edáficas y fisiográficas y crear el modelo de distribución que permitió planificar la conservación de la especie en un futuro.

2.3.2. Variables ambientales

La temperatura, barreras geográficas, precipitaciones, entre otros factores ecológicos, inciden en la distribución de las especies (Kaeslin *et al.*, 2012). Por consiguiente, se seleccionaron 26 variables ambientales (Tabla 4), las cuales incluyen 19 variables bioclimáticas, 3 topográficas, 3 propiedades del suelo y finalmente una de radiación solar. Las variables bioclimáticas se descargaron del conjunto de datos de WorldClim (<http://worldclim.org/version2>). Las variables topográficas se obtuvieron del Modelo de Elevación Digital del Terreno – MDT de 90 m de resolución espacial obtenido del portal web del Servicio Geológico de los Estados Unidos (<http://srtm.usgs.gov>). Las propiedades fisicoquímicas del suelo, con una resolución de 250 m, fueron obtenidas a partir del sistema SoilGrids ver. 0.5.3 (<http://soilgrids.org>).

2.3.3. Modelado de distribución de especies

Se utilizó el modelo de máxima entropía *Maxent* (versión 3.4.4; Phillips *et al.*, 2006) debido a que se ha demostrado que este modelo funciona mejor con tamaños de muestra pequeñas en comparación con otros métodos de modelado de distribución (Pearson *et al.*, 2007; Kumar & Stohlgren, 2009). Además, se eligió este modelo por ser ampliamente utilizado para estudios de conservación de flora a escala local y global (Bai *et al.*, 2018). *Maxent* utiliza datos de solo presencia para predecir la distribución de una especie según la teoría de la entropía máxima, ya que este programa intenta estimar una distribución de probabilidad de ocurrencia de especies más cercana a la uniforme mientras ésta esté sujeta a condiciones ambientales (Elith *et al.*, 2011).

Para el modelo se seleccionará 75% de datos para entrenamiento y 25% para pruebas de modelos (Phillips, 2008) y el resto de valores se mantuvo por defecto. Se realizó un análisis Jackknife para determinar variables que reducen la confiabilidad del modelo cuando se omite y se usó el área bajo la curva del operador receptor (AUC) para evaluar el rendimiento del modelo.

El modelo se evaluó en base al Área Bajo la Curva (AUC), la cual varía de 0 a 1 (Fielding & Bell, 1997). Un valor de AUC de 0,50 indica que el modelo no funcionó mejor que aleatorio, mientras que un valor de 1.0 indica una discriminación perfecta (Swets, 1988). Para su mejor visualización y análisis adicional, se importaron los resultados de *Maxent* que predicen la presencia del género *Erythrina* a ArcGIS vs.10.5. Se utilizó la clasificación propuesta por Yang *et al.* (2013) para categorizar los datos según tipo de hábitat: hábitat inadecuado (<0.2); hábitat apenas adecuado (0,2-0,4); hábitat adecuado (0,4-0,6); hábitat muy adecuado (>0.6). De este modo, se conocerá el hábitat óptimo para el desarrollo del género *Erythrina*.

2.3.4. Identificación de áreas con potencial para conservación

Se realizó una sobreposición de las áreas obtenidas de distribución en MaxEnt con información de Áreas Naturales Protegidas (ANP), obtenidas de Geo Server del Servicio Nacional de Recursos Naturales, y áreas degradadas identificadas por el Ministerio del Ambiente del Perú (MINAM). Esta metodología ha sido ampliamente utilizada en estudios de conservación y aplicada para otros géneros, tales como el género *Cedrela* (Cotrina *et al.*, 2021). El modelo generado permitió identificar áreas protegidas que conservan el género *Erythrina* y también aquellas áreas que están degradadas que podrían ser restauradas con las diferentes especies del género.

Tabla 4. Variables ambientales (bioclimáticas, topográficas y edáficas), usadas en la predicción mediante modelación en Maxent.

Variable	Unidades	Símbolo
Bioclimático		
Temperatura media anual	°C	bio01
Rango medio diario	°C	bio02
Isotermalidad	°C	bio03
Estacionalidad de la temperatura	°C	bio04
Temperatura máxima del mes más cálido	°C	bio05
Temperatura mínima del mes más frío	°C	bio06
Rango de temperatura anual	°C	bio07
Temperatura media del trimestre más húmedo	°C	bio08
Temperatura media del trimestre más seco	°C	bio09
Temperatura media del trimestre más cálido	°C	bio10
Temperatura media del trimestre más frío	°C	bio11
Precipitación anual	milímetros	bio12
Precipitación del mes más lluvioso	milímetros	bio13
Precipitación del mes más seco	milímetros	bio14
Estacionalidad de las precipitaciones	milímetros	bio15
Precipitación del trimestre más húmedo	milímetros	bio16
Precipitación del Barrio Más Seco	milímetros	bio17
Precipitaciones del trimestre más cálido	milímetros	bio18
Precipitaciones del trimestre más frío	milímetros	bio19
topográfico		
Elevación sobre el nivel medio del mar	msnm	dem
pendiente del terreno	°	pendiente
Orientación cardinal de la pendiente.	°	aspecto
Edáfico a 0,30 m		
pH en H ₂ O	pH × 10	pH
Capacidad de intercambio catiónico	cmol kg ⁻¹	cec
Carbón orgánico	gramos kg ⁻¹	social
Radiación solar	MJ m ⁻² día ⁻¹	srad

III. RESULTADOS

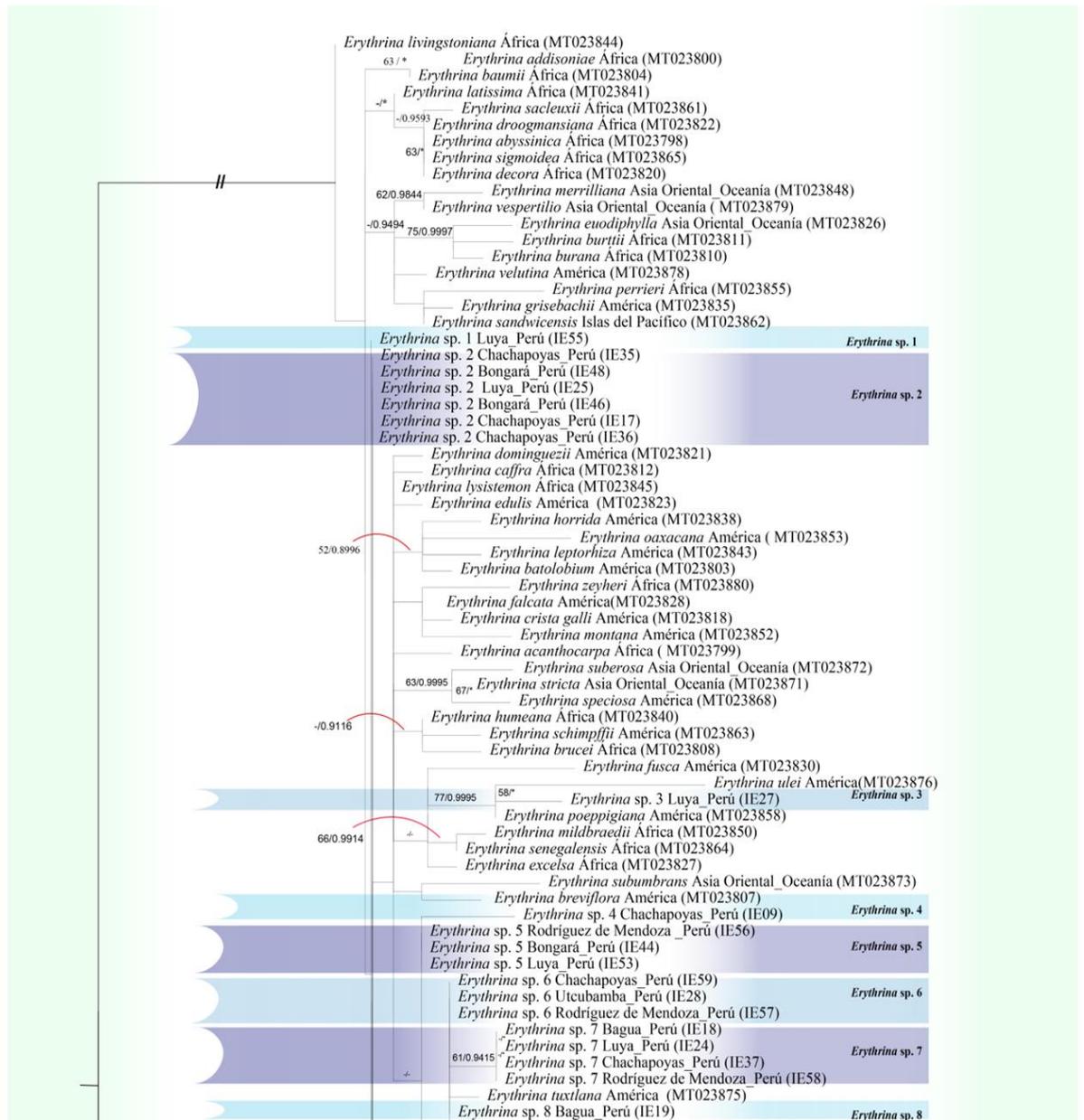
3.1. Análisis de diversidad de *Erythrina* spp.

3.1.1. Análisis filogenético

Los árboles filogenéticos se construyeron utilizando los métodos de construcción de filogenias de Maximum Likelihood (ML) e Inferencia Bayesiana (IB), con los marcadores *matK* y *trnL-trnF*. Para el marcador *trnL-trnF*, se utilizó un total de 113 secuencias (780 pb), de las cuales 38 fueron muestras recolectadas en Amazonas y 85 obtenidas de la base de datos GenBank. Por otro lado, para el marcador *matK* se utilizó un total de 113 secuencias (918 pb), de las cuales 40 fueron recolectadas en Amazonas y 83 restantes fueron obtenidas de GenBank. Además, se construyó un árbol de data concatenada de *trnL-trnF* y *matK* y se incluyó a *Psophocarpus tetragonolobus* (EU717343) como grupo externo de ambas secuencias.

a. Análisis filogenético usando el marcador *trnL-trnF*

En la filogenia del marcador *trnL-trnF* se identificó un total de 12 grupos genéticos en Amazonas (Figura 7), cuyas secuencias no coincidieron con las depositadas en el Genbank: *Erythrina* sp. 1 (un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 2 (2 de Bongará, 3 individuos de Chachapoyas y un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 3 (un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 4 (un individuo de Chachapoyas), *Erythrina* sp. 5 (4 individuos de Bongará, 4 individuos de Luya y un individuo de Rodríguez de Mendoza, y), *Erythrina* sp. 6 (un individuo de Chachapoyas, un individuo de Utcubamba y un individuo de Rodríguez de Mendoza), *Erythrina* sp. 7 (un individuo de Bagua, un individuo de Luya, un individuo de Chachapoyas y un individuo de Rodríguez de Mendoza), *Erythrina* sp. 8 (Un individuo de Bagua), *Erythrina* sp. 9 (2 individuos de Bongará, 5 individuos de Chachapoyas y 4 individuos de Luya), *Erythrina* sp. 10 (un individuo de Chachapoyas) y *Erythrina* sp. 11 (un individuo de Utcubamba) y *Erythrina* sp. 12 (4 individuos de Chachapoyas y un individuo de Utcubamba).



Continúa...

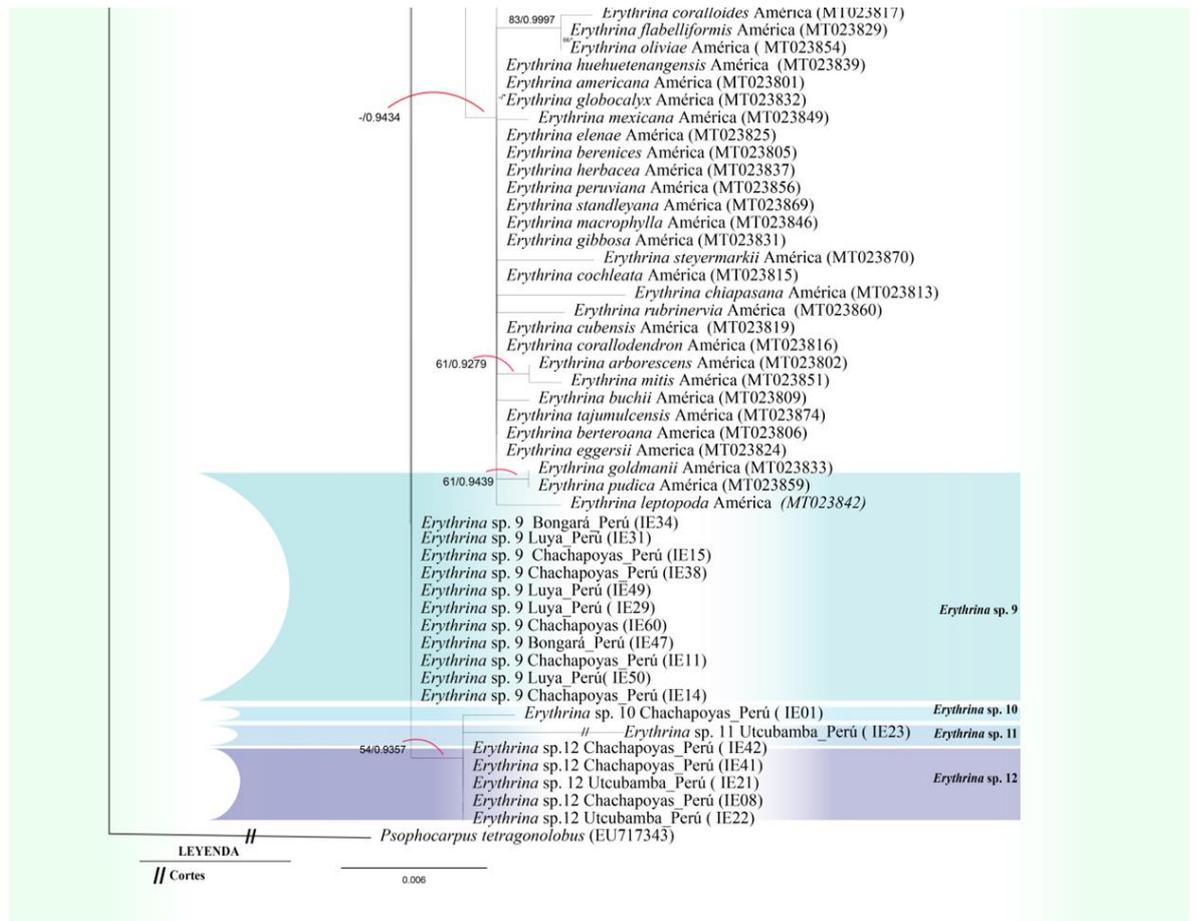
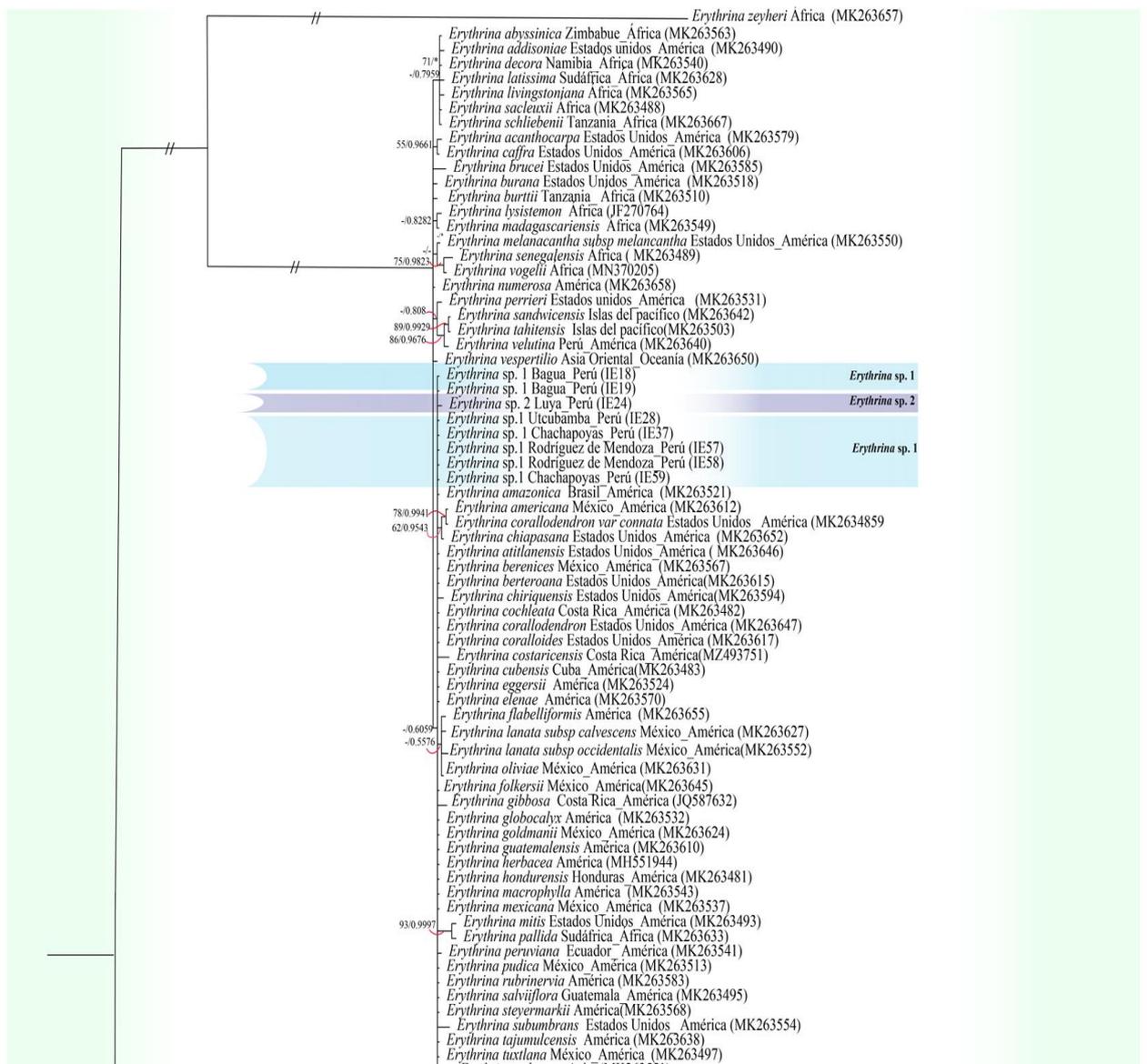


Figura 7. Árbol filogenético obtenido del marcador *trnL-trnF* muestra los individuos estudiados en Amazonas y los descargados de Genbank. Por encima de las ramas se muestran los valores de bootstrap de máxima verosimilitud / probabilidad posterior bayesiana.

b. Análisis filogenético usando el marcador *matK*

La filogenia del marcador *matK* identificó un total de 11 grupos genéticos en Amazonas (Figura 8), cuyas secuencias no coincidieron con las depositadas en el Genbank: *Erythrina* sp. 1 (2 individuos de Chachapoyas, 2 individuos de Bagua, 2 individuos de Rodríguez de Mendoza y un Individuo de Utcubamba), *Erythrina* sp. 2 (un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 3 (un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 4 (un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 5 (4 individuos de Bongará, 4 individuos de Luya y un individuo de Rodríguez de Mendoza), *Erythrina* sp. 6 (4 individuos de Bongará, 9 individuos de Chachapoyas, 4 individuos de Luya y 2 individuos de Utcubamba), *Erythrina* sp. 7 (un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 8 (2 individuos de Chachapoyas y un individuo de Utcubamba), *Erythrina* sp. 9 (un individuo de Chachapoyas), *Erythrina* sp. 10 (un individuo de Luya) y *Erythrina* sp. 11 (un individuo de Chachapoyas).



Continúa ...

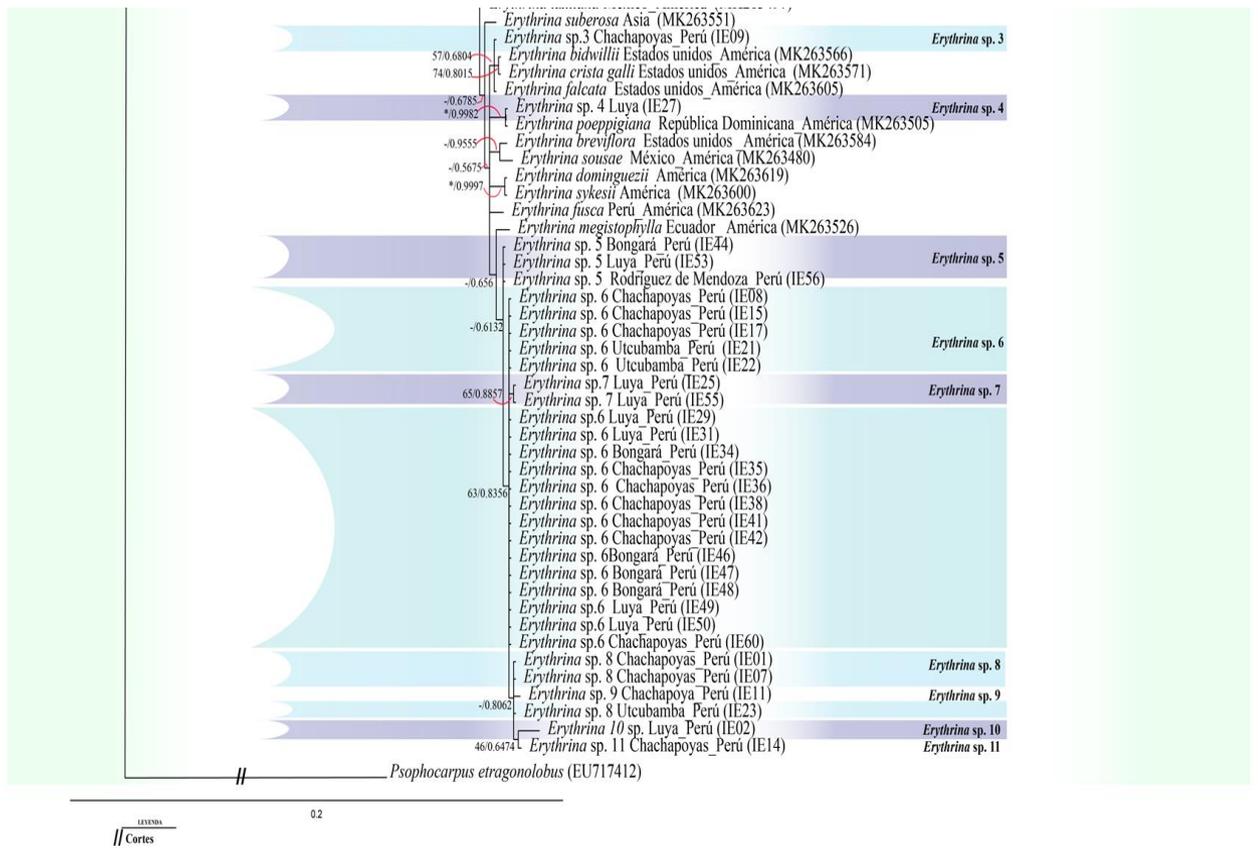
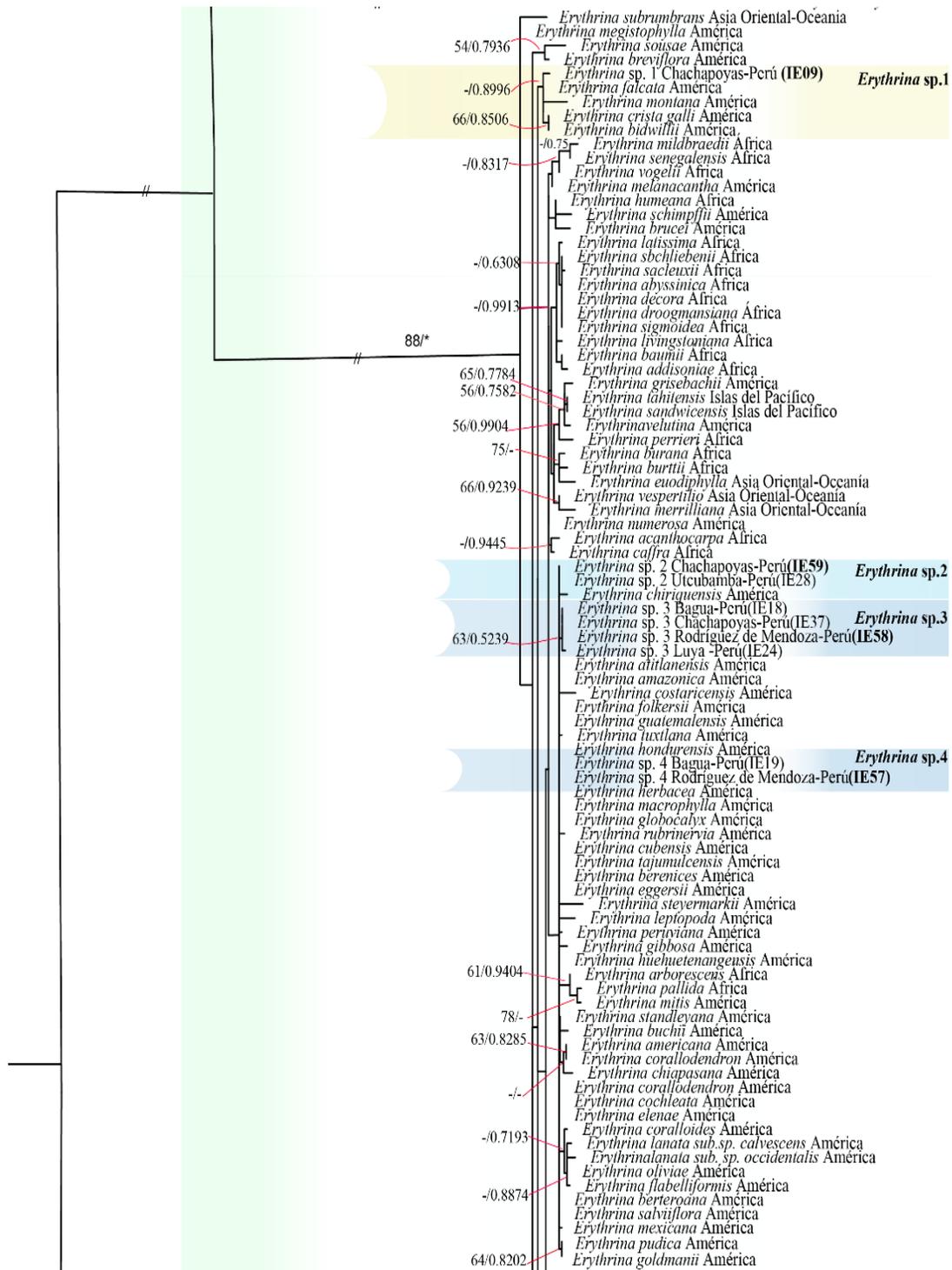


Figura 8. Árbol filogenético obtenido del marcador *matK* muestra los individuos estudiados en Amazonas y los descargados de Genbank. Por encima de las ramas se muestran los valores de bootstrap de máxima verosimilitud / probabilidad posterior bayesiana.

c. Análisis de la data concatenada *trnL-trnF* y *matK*

La filogenia de la data concatenada de los marcadores moleculares *trnL-trnF* y *matK* no incluyó a las especies *E. edulis* ni *E. amazonica*, ya que no se encontró secuencias de ambos marcadores para cada especie en la base de datos GenBank (*E. edulis* posee solo *trnL-trnF* y *E. amazonica* solo *matK*).

Se identificaron 10 grupos genéticos (Figura 9): *Erythrina* sp. 1 (un individuo de Chachapoyas), el cual tiene cercanía a cuatro individuos de América (*E. bidwillii* (MK263566), *E. cristal galli* (MK263571) y *E. falcata* (MK263605); *Erythrina* sp. 2 (un individuo de Chachapoyas y un individuo de Utcubamba); *Erythrina* sp. 3 (un individuo de Chachapoyas, un individuo de Bagua, un individuo de Luya y un individuo de Rodríguez de Mendoza); *Erythrina* sp. 4 (un individuo de Bagua y un individuo de Rodríguez de Mendoza); *Erythrina* sp. 5 (un individuo de Luya) que comparte relación evolutiva con *Erythrina poeppigiana* y con *Erythrina ulei*; *Erythrina* sp. 6 (un individuo de Bongará, un individuo de Luya y un individuo de Rodríguez de Mendoza); *Erythrina* sp. 7 (un individuo de Luya y un individuo de Chachapoyas); *Erythrina* sp. 8 (4 individuos de Bongará, 9 individuos de Chachapoyas, 4 individuos de Luya y 2 individuos de Utcubamba); *Erythrina* sp. 9 (un individuo de Chachapoyas y 2 individuos de Luya) y *Erythrina* sp. 10 (2 individuos de Chachapoyas y un individuo de Utcubamba).



Continúa ...

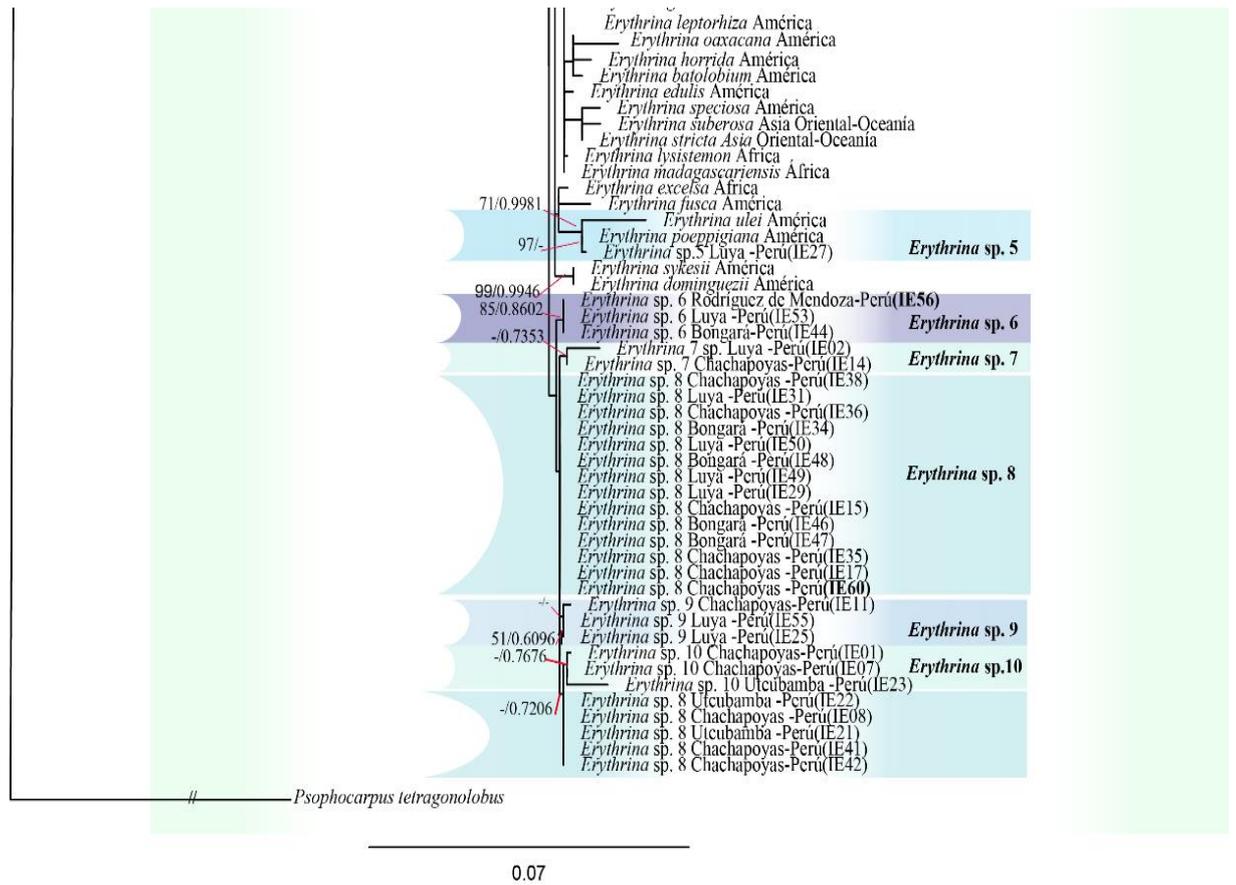


Figura 9. Árbol filogenético obtenido de la data concatenada de los marcadores *trnL-trnF* y *matK* muestra los individuos estudiados en Amazonas y los descargados de Genbank. Por encima de las ramas se muestran los valores de bootstrap de máxima verosimilitud / probabilidad posterior bayesiana

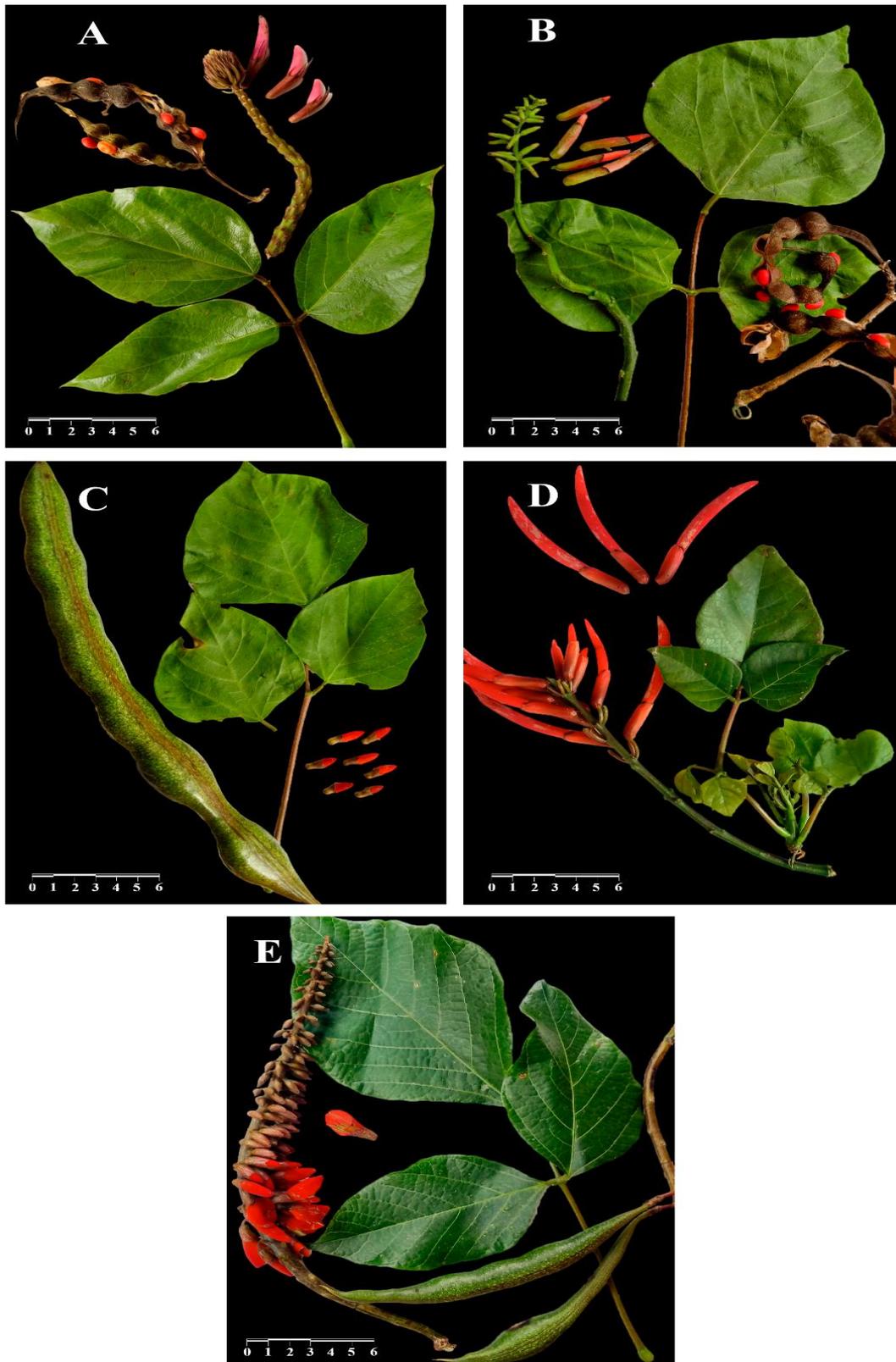


Figura 10. Imágenes de *Erythrina* spp. colectadas en Amazonas. (A) *Erythrina* sp. 4 (IE57) colectada en la provincia de Rodríguez de Mendoza-Milpúc; (B) *Erythrina* sp.3 (IE58) colectada en la provincia de Rodríguez de Mendoza- Milpúc; (C) *Erythrina* sp.6 (IE56) colectada en la provincia de Rodríguez de Mendoza-Milpúc; (D) *Erythrina* sp.2 (IE59) colectada en la provincia de Chachapoyas-El molino; (E) *Erythrina* sp.8 (IE60) colectada en la provincia de Chachapoyas.

3.1.2. Distancias genéticas

a. Distancias genéticas para el marcador *trnL-trnF*

Las divergencias genéticas del marcador *trnL-trnF* basadas en las distancias por pares de los 113 individuos de *Erythrina*, tanto las colectadas de Amazonas y las descargadas de GenBank fue < 4.90%.

Por otro lado, las divergencias genéticas de los 38 individuos recolectados de la región Amazonas, oscila entre 0%- 4.1%, donde los individuos de *Erythrina* sp. 1 y *Erythrina* sp. 2 no presentaron un grado de divergencia (0%); *Erythrina* sp. 3 presentó una distancia con *Erythrina ulei* (MT023876) de 1.23% y con *Erythrina poeppigiana* (MT023876) de 0.24%. *Erythrina* sp. 4 presentó una divergencia de 0.46% con de *Erythrina* sp. 5; mientras que *Erythrina* sp. 6 y *Erythrina* sp. 7 divergieron 0.23%. Por otro lado, *Erythrina* sp. 8 y la especie más cerca *Erythrina tuxtlana* (MT023875) no presentaron divergencia (0%). *Erythrina* sp. 1, *Erythrina* sp. 2 y *Erythrina* sp. 9 no presentaron divergencia entre ellas (0%), *Erythrina* sp. 10 y *Erythrina* sp. 11 presentaron una divergencia de 3.06%, mientras que, *Erythrina* sp. 11 y *Erythrina* sp. 12 divergieron en 2.79%. También, tras realizar una comparación por pares de los grupos genéticos los grupos con mayor distancia genética fueron *Erythrina* sp. 3 y *Erythrina* sp. 11, así también, los que no presentaron divergencia son los grupos genéticos *Erythrina* sp. 6 y *Erythrina* sp.8 (Tabla 5).

Tabla 5. Comparación por pares de los grupos genéticos identificados en el árbol filogenético para el marcador *trnL-trnF*. El mayor valor y los menores valores de divergencia genética se muestran en negrita.

Grupos Genéticos	<i>E. sp.1</i>	<i>E. sp.2</i>	<i>E. sp.3</i>	<i>E. sp.4</i>	<i>E. sp.5</i>	<i>E. sp.6</i>	<i>E. sp.7</i>	<i>E. sp.8</i>	<i>E. sp.9</i>	<i>E. sp.10</i>	<i>E. sp.11</i>	<i>E. sp.12</i>
<i>E. sp.1</i>												
<i>E. sp.2</i>	0											
<i>E. sp.3</i>	1.17	1.16										
<i>E. sp.4</i>	0.70	0.69	1.87									
<i>E. sp.5</i>	0.23	0.23	1.40	0.46								
<i>E. sp.6</i>	0.46	0.46	1.63	0.69	0.69							
<i>E. sp.7</i>	0.70	0.69	1.87	0.93	0.93	0.23						
<i>E. sp.8</i>	0.46	0.46	1.63	0.69	0.23	0.00	0.23					
<i>E. sp.9</i>	0.00	0.00	1.16	0.69	0.23	0.46	0.69	0.46				
<i>E. sp.10</i>	0.46	0.46	1.16	1.16	0.69	0.93	1.16	0.93	0.46			
<i>E. sp.11</i>	3.06	3.06	4.11	3.84	3.32	3.58	3.84	3.58	3.06	3.06		
<i>E. sp.12</i>	0.23	0.23	1.40	0.93	0.46	0.69	0.93	0.69	0.23	0.23	2.80	

b. Distancias genéticas para el marcador *matK*

Las divergencias genéticas del marcador *matK* basadas en las distancias por pares de los 113 individuos de *Erythrina* de la región Amazonas y las descargadas de GenBank fue < 2.86%, excluyendo a *Erythrina zeyheri* (MK263657) debido a que esta secuencia divergió de las demás en porcentajes altos, por lo que es posible que no pertenezca al género *Erythrina*.

Por otro lado, las divergencias genéticas de los 40 individuos recolectados de la región Amazonas para el marcador *matK* oscilaron entre 0.13% a 2.36%. Los individuos de *Erythrina* sp. 1 y *Erythrina* sp. 2 presentaron una divergencia de 0.13 %; mientras que *Erythrina* sp. 3 presentó una distancia genética de 0.13% con *E. bidwillii* (MK263566) y *E. cristal galli* (MK263571) y con *E. falcata* (MK263605) no presentó divergencia (0%); *Erythrina* sp. 4 no presentó divergencia con *Erythrina poeppigiana* (MK263505). *Erythrina* sp. 5 y *Erythrina* sp. 6 presentaron una divergencia de 0.26%. Así mismo, *Erythrina* sp. 6 y *Erythrina* sp. 7 divergieron en 0,39%; *Erythrina* sp. 8 y *Erythrina* sp. 9, en 0.26%; *Erythrina* sp. 9 y *Erythrina* sp. 10 en 0.1% y *Erythrina* sp. 10 y *Erythrina* sp. 11 en 0.91%. También, tras realizar una comparación por pares de los grupos genéticos, los grupos con mayor distancia genética fueron *Erythrina* sp. 4 y *Erythrina* sp. 10 (Tabla 6).

Tabla 6. Comparación por pares de los grupos genéticos identificados en el árbol filogenético para el marcador *matK*. El mayor valor y los menores valores de divergencia genética se muestra en negrita.

Grupos Genéticos	<i>E. sp.1</i>	<i>E. sp.2</i>	<i>E. sp.3</i>	<i>E. sp.4</i>	<i>E. sp.5</i>	<i>E. sp.6</i>	<i>E. sp.7</i>	<i>E. sp.8</i>	<i>E. sp.9</i>	<i>E. sp.10</i>	<i>E. sp.11</i>
<i>E. sp.1</i>											
<i>E. sp.2</i>	0.13										
<i>E. sp.3</i>	0.78	0.65									
<i>E. sp.4</i>	1.30	1.17	0.78								
<i>E. sp.5</i>	0.91	0.78	0.65	1.17							
<i>E. sp.6</i>	0.91	0.78	0.65	1.17	0.26						
<i>E. sp.7</i>	1.04	0.91	0.78	1.30	0.39	0.13					
<i>E. sp.8</i>	0.78	0.91	0.78	1.30	0.39	0.13	0.26				
<i>E. sp.9</i>	1.04	1.17	1.04	1.57	0.65	0.39	0.26	0.26			
<i>E. sp.10</i>	1.83	1.96	1.83	2.36	1.43	1.17	1.30	1.04	1.04		
<i>E. sp.11</i>	0.91	1.05	0.91	1.44	0.52	0.26	0.39	0.13	0.39	0.91	

3.1.3. Análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad

a. Análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad (*trnL-trnF*)

Las 38 secuencias obtenidas de *Erythrina* sp. de la región Amazonas se agruparon en 9 haplotipos ($h=9$). En la determinación de los haplotipos sólo se han considerado los sitios polimórficos, teniendo un total de 21 sitios polimórficos, siendo el mayor número encontrado en los individuos provenientes de Utcubamba.

La diversidad haplotípica es elevada (Hd Total = 0.7468); mientras que la diversidad nucleotídica es relativamente baja (π total = 0.0033), lo que determina que las diferencias entre secuencias son de pocos nucleótidos. Por otro lado, en el análisis de las poblaciones, se encontró que Chachapoyas tiene el mayor número de haplotipos ($h=6$), mientras que los valores más altos de diversidad nucleotídica lo presentan Utcubamba, Luya y Chachapoyas, lo que podría indicar una historia evolutiva más compleja o presencia de subpoblaciones. Bagua presentó baja variabilidad genética, pero la diversidad observada es única, posiblemente debido a un muestreo reducido. Además, el mayor número promedio de diferencias de nucleótidos por pares ($k=7$) fue Utcubamba. Por otro lado, en cuanto a los valores obtenidos del índice de Tajima's D, las poblaciones provenientes de Chachapoyas, Luya, Bongará y Utcubamba presentaron valores negativos (-1.02034, -1.54052, -0.8165 y -0.84532, respectivamente) lo que indica una posible expansión poblacional reciente o selección purificadora, mientras que las poblaciones de Bagua y Rodríguez de Mendoza presentaron un valor igual a cero. En la prueba de Fu presentaron valores negativos las provincias de Chachapoyas (-1.5294) y Rodríguez de Mendoza (-1.2164), lo que indicaría expansión poblacional; valores positivos Luya (0.33148), Bongará (0.09021) y Utcubamba (2.03793), lo que indicaría contracción o selección, mientras que la población de Bagua $F_s=0$ lo que sugiere poblaciones estables o probablemente debido a la baja cantidad de muestreo lo que limita la variabilidad observada (Tabla 7)

Tabla 7. Tabla de diversidad genética de *Erythrina* sp. recolectadas de la región Amazonas con el marcador molecular *trnL-trnF*. *n: Número de secuencias; s: Número de sitios segregantes h: Número de haplotipos; Hd: Diversidad de Haplotipos; K: Número medio de diferencias por pares; Pi: diversidad de nucleótidos; PiJC: Diversidad de nucleótidos JC.

Población	n	S	h	Hd	K	Pi	PiJC	Tajima's D	FS
Chachapoyas	15	7	6	0.70476	1.54286	0.00384	0.00386	-1.02034	-1.5294
Luya	9	7	4	0.58333	1.72222	0.00428	0.00431	-1.54052	0.33148
Bagua	2	1	2	1	1	0.00249	0.00249	0	0
Bongará	5	1	2	0.4	0.4	0.001	0.001	-0.8165	0.09021
Rodríguez de Mendoza	3	2	3	1	1.33333	0.00332	0.00333	0	-1.2164
Utcubamba	4	14	3	0.83333	7	0.01741	0.01774	-0.84532	2.03793
Total	38	21	9	0.7468	2.23186	0.00333			

b. Análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad (matK)

De las 40 secuencias generadas de *Erythrina* sp. de la región Amazonas solo 38 fueron incluidas en este análisis para tener simetría en cuanto a la conformación de grupos con el análisis realizado con *trnL-trnF* (misma cantidad de individuos). Como resultado se obtuvo la formación de 10 haplotipos (h=10). En la determinación de los haplotipos sólo se han consideraron los sitios polimórficos, teniendo un total de 18 sitios polimórficos, siendo el mayor número en los individuos provenientes de Luya (S=15).

La diversidad haplotípica es elevada con un valor de Hd Total= 0.71977; mientras que la diversidad nucleotídica es relativamente baja (π Total= 0.00438), lo que determina que las diferencias entre secuencias son de pocos nucleótidos. Por otro lado, en el análisis de las poblaciones, se encontró que Chachapoyas y Luya tienen mayor número de haplotipos (6 y 5 respectivamente), mientras que, los valores de diversidad nucleotídica son relativamente bajos y oscilaron entre 0-0.00539, Rodríguez de Mendoza y Utcubamba mostraron alta diversidad de haplotipos y nucleótidos, lo que sugiere una estructura de población más compleja o un mayor flujo génico y Bagua Hd=0, siendo éste el menor valor, lo que podría deberse a el tamaño de muestra . Además, el mayor valor promedio de diferencias de nucleótidos por pares (k= 4.11) se obtuvo en Luya.

En cuanto a los valores obtenidos del índice de Tajima's D, las poblaciones provenientes de Chachapoyas, Luya, Bongará y

Utcubamba presentaron valores negativos (-0.96019, -1.23097, -1.7899 y -0.84532, respectivamente) lo que sugiere exceso de variantes raras, mientras que las poblaciones de Bagua y Rodríguez de Mendoza presentaron un valor igual a cero. En la prueba de Fu (Fs) todas las poblaciones presentaron valores positivos en varias poblaciones, especialmente en Rodríguez de Mendoza (2.63906) lo que indicó fluctuaciones poblacionales recientes; mientras que la población de Bagua se obtuvo un valor de $F_s=0$ (Tabla 8).

Tabla 8. Tabla de diversidad genética de *Erythrina sp.* recolectadas de la región Amazonas con el marcador molecular *matK*. *n: Número de secuencias; s: Número de sitios segregantes h: Número de haplotipos; Hd: Diversidad de Haplotipos; K: Número medio de diferencia por pares; Pi: Diversidad de nucleótidos; PiJC: Diversidad de nucleótidos con JC.

Población	n	S	h	Hd	K	Pi	PiJC	Tajima's D	FS
Chachapoyas	15	12	6	0.64762	2.78	0.00364	0.00366	-0.96019	0.05629
Luya	9	15	5	0.80556	4.11	0.00539	0.00542	-1.23097	0.75058
Bagua	2	0	1	0	0	0	0	0	0
Bongará	5	2	2	0.4	0.8	0.00105	0.00105	-1.7899	1.04042
Rodríguez de Mendoza	3	6	2	0.66667	4	0.00524	0.00527	0	2.63906
Utcubamba	4	7	3	0.83333	3.5	0.00459	0.00461	-0.84532	0.96133
Total	38	18	10	0.71977	3.33997	0.00438			

3.1.4. Estructura genética de las poblaciones

a. Estructura genética de las poblaciones (*trnL-trnF*)

El índice de fijación global (F_{st}) para las poblaciones de Amazonas y las obtenidas de GenBank fue de 0.21207, refiriendo una alta diferencia entre individuos, mientras que el índice de fijación global (F_{st}) para Amazonas fue de 0.16341 (Tabla 9), indicando una alta diferencia entre los individuos de Amazonas, lo cual se corrobora con el análisis de diferenciación de poblaciones (Figura 11). Donde las poblaciones como Rodríguez de Mendoza con Bongará y Bagua con Bongará muestran los valores más altos de F_{st} , indicando que estas poblaciones están bastante diferenciadas genéticamente, lo que podrían deberse a barreras geográficas, ecológicas que limitan el flujo génico. Por otro lado, en las poblaciones de Chachapoya, Luya y Bongara muestran valores bajos e incluso negativos, lo que sugiere que existe un considerado flujo génico entre ellas, resultando poca diferenciación genética y Bagua y Rodríguez de Mendoza presentan diferenciación significativa, lo que implica que

estas poblaciones están más aisladas o están experimentando eventos evolutivos diferentes.

Tabla 9. Análisis por pares (*F_{st}*) de las poblaciones de *Erythrina* spp. de la Región Amazonas.

Poblaciones	Chachapoyas	Luya	Rodríguez de Mendoza	Bongará	Bagua	Utcubamba
Chachapoyas	0					
Luya	-0.00945	0				
Rodríguez de Mendoza	0.33866	0.25379	0			
Bongará	-0.05327	-0.10468	0.58585	0		
Bagua	0.45075	0.36249	-0.43478	0.76661	0	
Utcubamba	0.18218	0.17733	0.1315	0.15419	0.09278	0

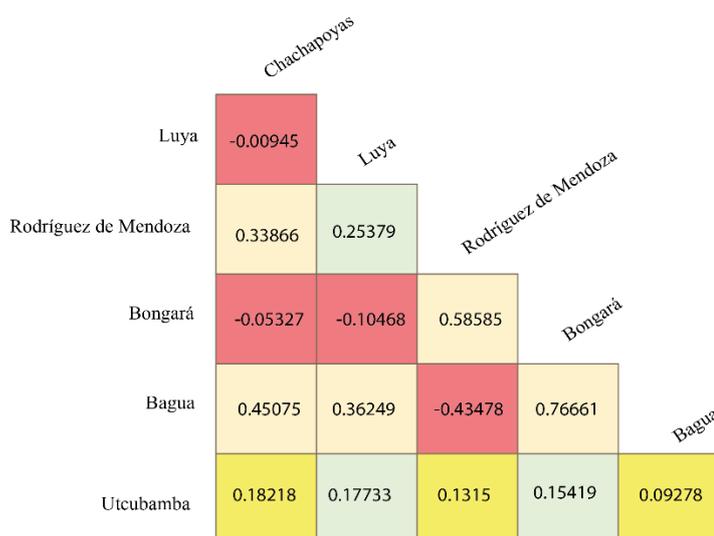


Figura 11. Valoración de *F_{st}* propuesta por Wrigth (1951): 0 – 0.05 (Rojo)= poca diferenciación, de 0.05 – 0.15 (Amarillo)= moderada, de 0.15 – 0.25 (Verde)= alta; y > 0.25 muy alta (Naranja).

El análisis de varianza molecular (AMOVA) considerando a las poblaciones de Amazonas y las obtenidas de la base de datos GenBank (grupo 1: Amazonas; grupo 2: América, África; grupo 3: Islas del pacífico; Asia Oriental-Oceanía) mostraron los siguientes valores de variaciones: dentro de las poblaciones de 78.79 % ($F_{st}=0.21207$, $p<0.05$) lo cual es característico de muchas especies vegetales y sugiere que la selección natural, el flujo génico dentro de las poblaciones, y la variabilidad genética a nivel local son factores importantes en la estructura genética de *Erythrina* spp., la variación entre poblaciones dentro de los grupos de 17.95% ($F_{sc}=0.18551$, $p<0.05$) la variación génica es significativa lo que indica que, dentro de cada región, las

poblaciones tienen diferencias genéticas notables y finalmente la variación entre los grupos de 3.26% ($F_{ct} = 0.03261$, $p < 0.05$) la baja variación genética entre los grupos Amazonas, América/África, e Islas del Pacífico/Asia Oriental-Oceanía sugiere que estos grupos no están muy diferenciados entre sí. Esto podría deberse a un flujo génico histórico o a una dispersión reciente de las especies de *Erythrina* entre estas regiones. (Tabla 10).

Tabla 10 .Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) global aplicado a grupos de individuos de *Erythrina* usando el marcador *trnL-trnF*. Grupo 1: Amazonas, grupo 2: América, África, grupo 3: Islas del pacífico, Asia Oriental-Oceanía.

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Componentes de varianza	Porcentaje de Variación	Fijación de índices
Entre grupos	2	25.288	0.07082 Va	3.26	F_{ct} : 0.03261
Entre poblaciones dentro de los grupos	2	15.691	0.38975 Vb	17.95	F_{sc} : 0.18551
Dentro de las poblaciones	108	184.816	1.71126 Vc	78.79	F_{st}: 0.21207
Total	112	225.796	2.17183		

Por otro lado, se realizó otro análisis AMOVA incluyendo sólo a las poblaciones de Amazonas utilizando el siguiente agrupamiento: Chachapoyas y Luya (Grupo 1); Rodríguez de Mendoza y Bongará (Grupo 2) y Bagua y Utcubamba (Grupo 3). Como resultado se obtuvieron los siguientes valores: la variación dentro de las poblaciones de 83.66% ($F_{st} = 0.16341$, $p < 0.05$), lo que indicó que la mayoría de la diversidad génica está dentro de las poblaciones individuales, sugiere que fuerzas evolutivas como selección natural o la deriva génica están actuando de manera intra- poblacional, la variación entre poblaciones dentro de los grupos fue de 16.84% ($F_{sc} = 0.16757$, $p < 0.05$) existiendo así una diferenciación génica notable, lo que sugirió que las poblaciones de un mismo grupo están algo aisladas genéticamente una de otras, posiblemente debido a factores ecológicos y la variación entre los grupos de -0.5% ($F_{ct} = -0.005$, $p < 0.05$) sugirieron que no existe una diferenciación genética significativa entre los grupos a nivel regional, esto indicó un flujo continuo entre los grupos o faltas de barreras geográficas o reproductivas que conduzcan a una diferenciación génica (Tabla 11).

Tabla 11. *Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) regional aplicado a grupos de Erythrina usando el marcador trnL-trnF.*

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Componentes de varianza	Porcentaje de Variación	Fijación de índices
Entre grupos	2	4.029	-0.00593 Va	-0.5	Fct: -0.00500
Entre poblaciones dentro de los grupos	3	6.497	0.19949 Vb	16.84	Fsc: 0.16757
Dentro de las poblaciones	32	31.711	0.99097 Vc	83.66	Fst: 0.16341
Total	37	42.237	1.18453		

b. Estructura genética de las poblaciones (matK)

El índice de fijación global (*Fst*) para las poblaciones de Amazonas y las obtenidas del GenBank fue de 0.16134; y el índice de fijación global (*Fst*) para Amazonas fue de 0.13757 (Tabla 12); indicando que en ambos casos existió una diferencia moderada entre las poblaciones, la cual se corrobora en el análisis de diferenciación de poblaciones, donde: Bagua y Bongará, que están genéticamente diferenciadas de otras poblaciones, lo que podría deberse a barreras geográficas, ecológicas, o a la falta de flujo génico entre ellas, los valores negativos sugirieron que no hay diferenciación genica significativa y que estas poblaciones podrían estar genéticamente conectadas, lo que podría ser debido a un flujo génico continuo o a un tamaño de muestra insuficiente y algunas comparaciones, como Bagua y Bongará, mostraron una alta diferenciación genética, lo que sugiere un aislamiento genético considerable entre estas poblaciones. (Figura 12).

Tabla 12. *Análisis por pares (Fst) de las poblaciones de Erythrina spp. de la Región Amazonas.*

Población	Chachapoyas	Luya	Rodríguez de Mendoza	Bongará	Bagua	Utcubamba
Chachapoyas	0					
Luya	-0.04764	0				
Rodríguez de Mendoza	0.34066	0.20308	0			
Bongará	-0.03381	-0.06011	0.56067	0		
Bagua	0.5742	0.45544	-0.2	0.89501	0	
Utcubamba	-0.15368	-0.14209	0.12426	-0.01182	0.48308	0

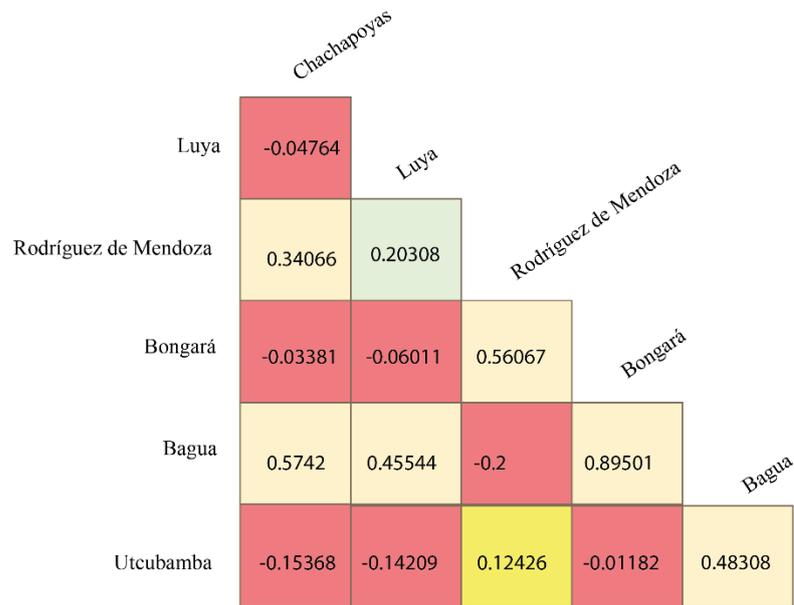


Figura 12. Valoración de F_{st} propuesta por Wright (1951): 0 – 0.05 (Rojo)= poca diferenciación, de 0.05 – 0.15(Amarillo)= moderada, de 0.15 – 0.25(Verde)= alta; y > 0.25 muy alta (Naranja).

El análisis de varianza molecular (AMOVA) considerando a las poblaciones de Amazonas y las obtenidas de la base de datos Genbank (grupo 1: región Amazonas; grupo 2: México, Brasil, Costa Rica, Cuba, Ecuador, República Dominicana, Perú, otros países de América, África; grupo 3: Islas del pacífico, Asia), mostró los siguientes valores: variación dentro de las poblaciones de 83.87% ($F_{st}=0.16134$, $p<0.05$) sugiere que la mayor parte de la variación genética se encuentra dentro de las poblaciones, lo que es consistente con muchas especies vegetales donde la variación genética tiende a ser alta dentro de poblaciones individuales, la variación entre poblaciones dentro de los grupos de -5.08% ($F_{sc}= -0.06451$, $p<0.05$) dentro de cada uno de estos grupos, no hay una estructura genética clara, lo que sugiere un flujo génico considerable o una historia evolutiva compartida reciente entre las poblaciones dentro de cada grupo, la variación entre los grupos de 21.22% ($F_{ct} =0.21216$, $p<0.05$) indicó que existe una diferenciación genética significativa entre los grandes grupos geográficos, lo que podría reflejar barreras geográficas, ecológicas o históricas que han limitado el flujo génico entre estos grupos de *Erythrina* spp.(Tabla 13).

Tabla 13. Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) global aplicado a grupos de individuos de *Erythrina* usando el marcador *matK*. Grupo 1: región Amazonas; grupo 2: México, Brasil,

Costa Rica, Cuba, Ecuador, República Dominicana, Perú, otros países de América, África; grupo 3: Islas del pacífico, Asia.

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Componentes de varianza	Porcentaje de Variación	Fijación de índices
Entre grupos	2	106.261	1.57683 Va	21.22	Fct: 0.21216
Entre poblaciones dentro de los grupos	11	49.304	-0.37772 Vb	-5.08	Fsc: -0.06451
Dentro de las poblaciones	99	617.073	6.23306 Vc	83.87	Fst: 0.16134
Total	112	772.637	7.43217		

Por otro lado, se realizó otro AMOVA incluyendo solo las poblaciones de la región Amazonas utilizando el siguiente agrupamiento: Chachapoyas y Luya (Grupo 1); Rodríguez de Mendoza y Bongará (Grupo 2) y Bagua y Utcubamba (Grupo 3); como resultado se obtuvieron los siguientes valores: variación dentro de las poblaciones de 86.24% (Fst=0.13757, $p < 0.05$) sugirió que la mayor parte de la variación genética se encuentra dentro de las poblaciones, lo que es común en muchas especies vegetales y denota que las poblaciones individuales de *Erythrina* spp. mantienen una diversidad genética considerable., la variación entre poblaciones dentro de los grupos de 17.33% (Fsc=0.16498, $p < 0.05$) existió una diferenciación genética moderada entre las poblaciones dentro de los grupos, lo que podría indicar diferencias locales o aislamiento parcial entre estas poblaciones y la variación entre los grupos es de -5.07% (Fct = -0.05066, $p < 0.05$) No se encontró una diferenciación genética significativa entre los grandes grupos regionales (Tabla 14).

Tabla 14. Análisis Molecular de Varianza (AMOVA) regional aplicado a grupos de *Erythrina* usando el marcador matK.

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Componentes de varianza	Porcentaje de Variación	Fijación de índices
Entre grupos	2	4.248	-0.12898 Va	-7.61	Fct: -0.07612
Entre poblaciones dentro de los grupos	3	10.781	0.36208 Vb	21.37	Fsc: 0.19858
Dentro de las poblaciones	32	46.761	1.46128 Vc	86.24	Fst: 0.13757
Total	37	61.789	1.69438		

3.1.5. Análisis de red de haplotipos

a. Red de haplotipos para *trnL-trnF*

El análisis de red de haplotipos basado en red de unión de medianas para las poblaciones de *Erythrina* spp. de Amazonas reveló cinco haplotipos mayoritarios, un haplotipo intermedio y tres haplotipos apicales (Figura 13). En la red de haplotipos se distinguió los 12 grupos genéticos identificados en el árbol filogenético elaborado con el marcador *trnL-trnF*, teniendo que el Hap_1 estuvo formado por el grupo genético *Erythrina* sp.10 (un individuo de Chachapoyas); Hap_2, por *Erythrina* sp.12 (3 individuos de Chachapoyas, 2 individuos de Utcubamba); Hap_3, por *Erythrina* sp. 4 (un individuo de Chachapoyas); Hap_4 por *Erythrina* sp. 1 (un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 2 (2 individuos de Bongará, 3 individuos de Chachapoyas y un individuo de Luya), *Erythrina* sp. 9 (2 individuos de Bongará, 5 individuos de Chachapoyas y 4 individuos de Luya); Hap_5, por *Erythrina* sp. 7 (un individuo de Bagua, un individuo de Chachapoyas, un individuo de Luya, un individuo de Rodríguez de Mendoza); Hap_6, por *Erythrina* sp. 6 (un individuo de Chachapoyas, un individuo de Rodríguez de Mendoza y un individuo de Utcubamba) y *Erythrina* sp. 8 (un individuo de Bagua); Hap_7, por *Erythrina* sp. 11 (un individuo de Utcubamba); Hap_8, por *Erythrina* sp. 3 (un individuo de Luya); y Hap_9, por *Erythrina* sp. 5 (un individuo de Bongará, un individuo de Luya y un individuo de Rodríguez de Mendoza).

Adicionalmente, se generó una red de haplotipos con secuencias de los individuos de la región Amazonas y los individuos obtenidos de GenBank (Figura 14). Esta red está formado por 42 haplotipos. La distribución de los haplotipos se muestra en la Tabla 15.

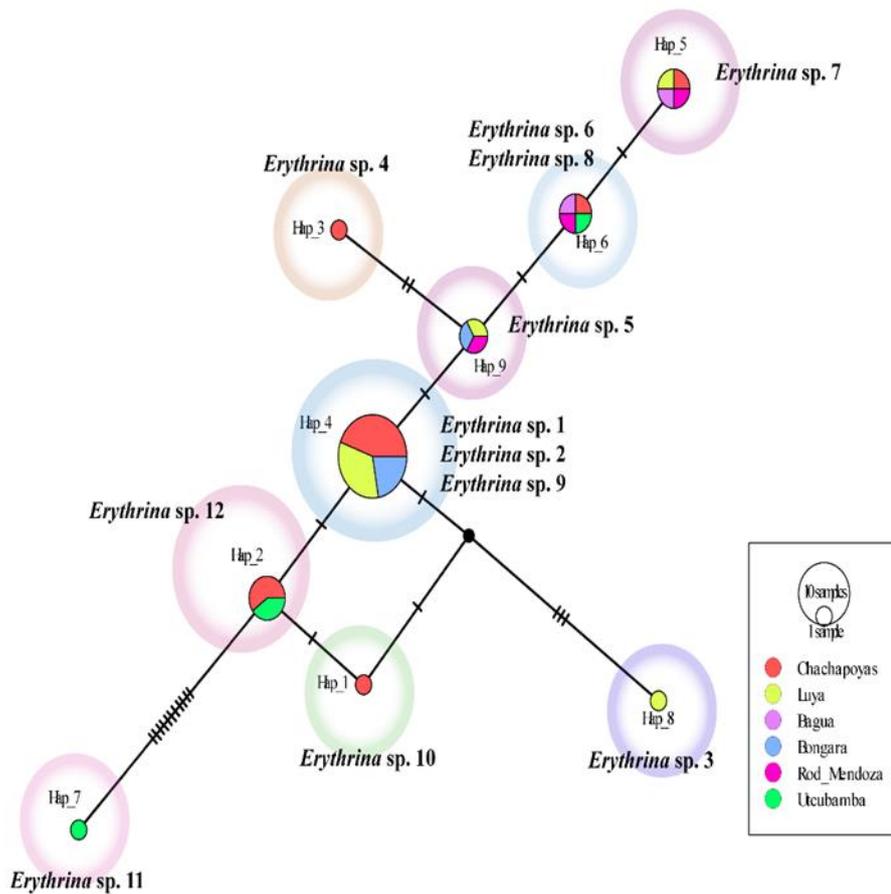


Figura 13. Red de haplotipos de las poblaciones de *Erythrina* spp. en la región Amazonas. Se observa en las elipses de colores los grupos genéticos identificados en el árbol filogenético de *trnL-trnF*. Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales.

Tabla 15. Distribución de haplotipos en las poblaciones de Amazonas para el marcador molecular *trnL-trnF*.

Poblaciones	N° haplotipos	Haplotipos	Altitud m s. n. m
Chachapoyas	6	Hap_1, Hap_2, Hap_3, Hap_4, Hap_5, Hap_6	2.483
Luya	4	Hap_4, Hap_5, Hap_8, Hap_9	2 307
Bagua	2	Hap_5, Hap_6	421
Bongará	2	Hap_4, Hap_9	1 991
Utcubamba	3	Hap_2, Hap_6, Hap_7	446
Rodríguez de Mendoza	3	Hap_5, Hap_6, Hap_9	1 584

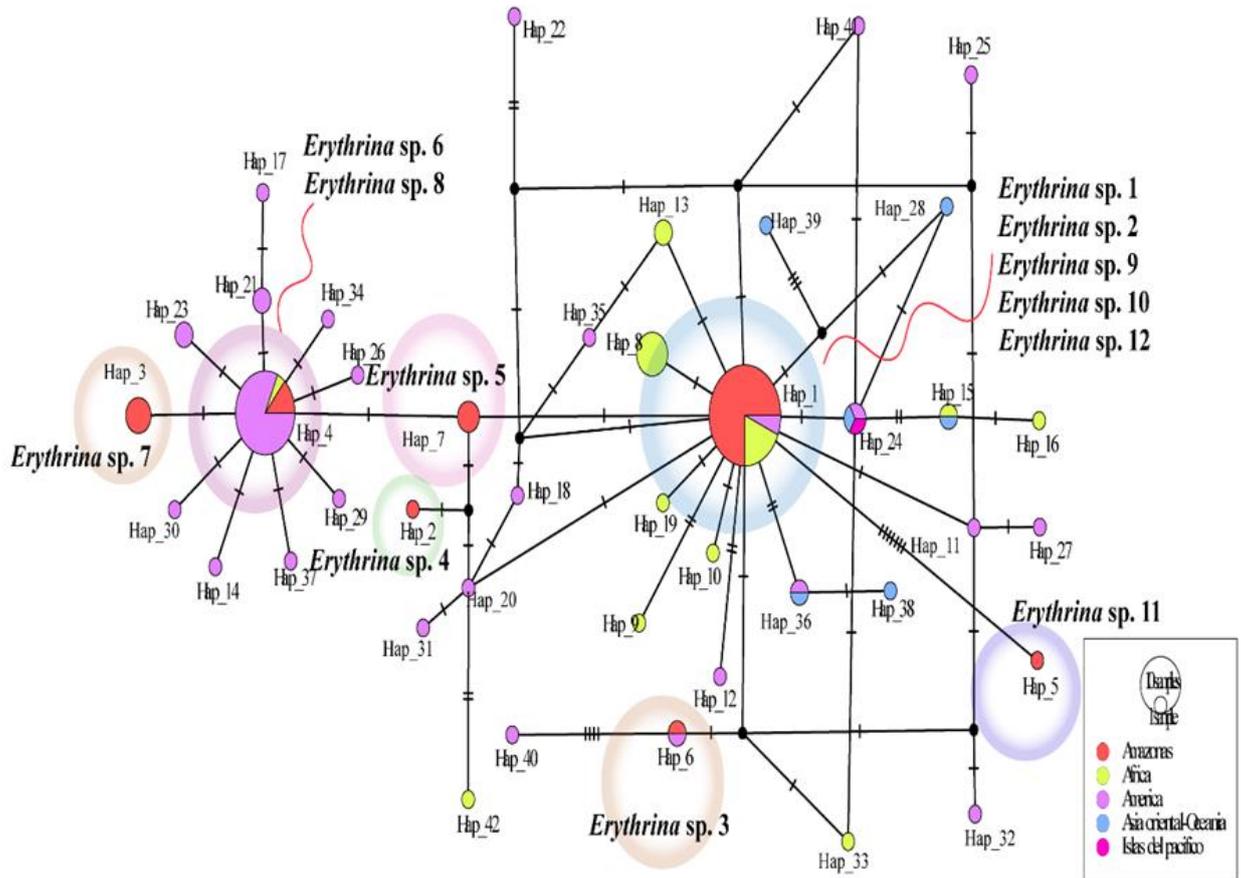


Figura 14. Red de haplotipos global (Individuos de Amazonas+ secuencias del Genbank). Las elipses de colores encierran al haplotipo identificado en la región Amazonas, así mismo, se menciona el grupo genético al que corresponden. Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales.

b. Red de haplotipos para matK

El análisis de red de haplotipos basado en red de unión de medianas para las poblaciones de *Erythrina* spp., de Amazonas reveló cuatro haplotipos mayoritarios, dos haplotipo intermedio y cinco haplotipos apicales (Figura 15). En la red de haplotipos se distinguieron los 11 grupos genéticos identificados en el árbol filogenético elaborado con el marcador *matK*, teniendo que el Hap_1 estuvo formado por el grupo genético *Erythrina* sp. 8 (2 individuos de Chachapoyas y un individuo de Utcubamba); Hap_2, por *Erythrina* sp.10 (un individuo de Luya); Hap_3, por *Erythrina* sp. 6 (4 individuos de Bongará, 9 individuos de Chachapoyas, 4 individuos de Luya y 2 individuos de Utcubamba); Hap_4, por *Erythrina* sp. 3 (un individuo de Chachapoyas); Hap_5, por *Erythrina* sp. 9 (un individuo de Chachapoyas); Hap_6, por *Erythrina* sp. 11 (un individuo de Chachapoyas); Hap_7, por *Erythrina* sp. 1 (2 individuos de Bagua, 2 individuos de Chachapoyas, 2 individuos de Rodríguez de Mendoza y un individuo de Utcubamba); Hap_8, por *Erythrina* sp. 2 (un individuo de Luya); Hap_9, por *Erythrina* sp. 7 (un individuo de Luya); Hap_10, por *Erythrina* sp. 4 (un individuo de Luya) y Hap_11, por *Erythrina* sp. 5 (un individuo de Bongará, un individuo de Luya y un individuo de Rodríguez de Mendoza). Adicionalmente, se generó una red de haplotipos con secuencias de los individuos de la región Amazonas y los individuos obtenidos de GenBank (Figura 16). Esta red está formado por 46 haplotipos. La distribución de los haplotipos se muestra en la Tabla 16.

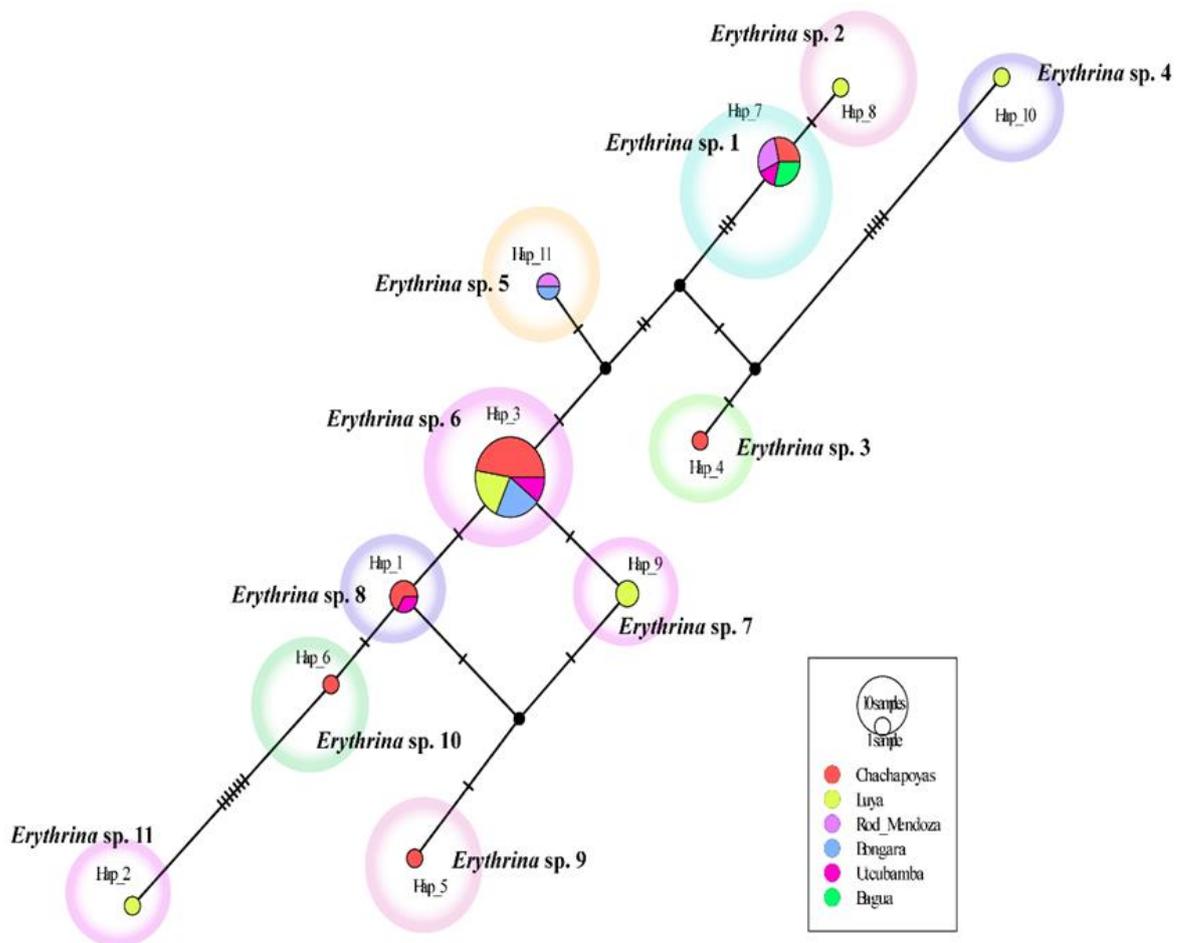


Figura 15. Red de haplotipos de las poblaciones de *Erythrina* spp. en la región Amazonas. Se observa en las elipses de colores lo grupos genéticos identificados en el árbol filogenético de *matK*. Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales.

Tabla 16. Distribución de haplotipos en las poblaciones de Amazonas para el marcador molecular *matK*.

Poblaciones	N° haplotipos	Haplotipos	Altitud m s. n. m
Chachapoyas	6	Hap_1, Hap_3, Hap_4, Hap_5, Hap_6, Hap_7	2.483
Luya	5	Hap_2, Hap_3, Hap_8, Hap_9, Hap_10, Hap_11	2.307
Bagua	1	Hap_7	421
Bongará	2	Hap_3, Hap_11	1.991
Utcubamba	3	Hap_1, Hap_3, Hap_7	446
Rodríguez de Mendoza	2	Hap_7, Hap_11	1.584

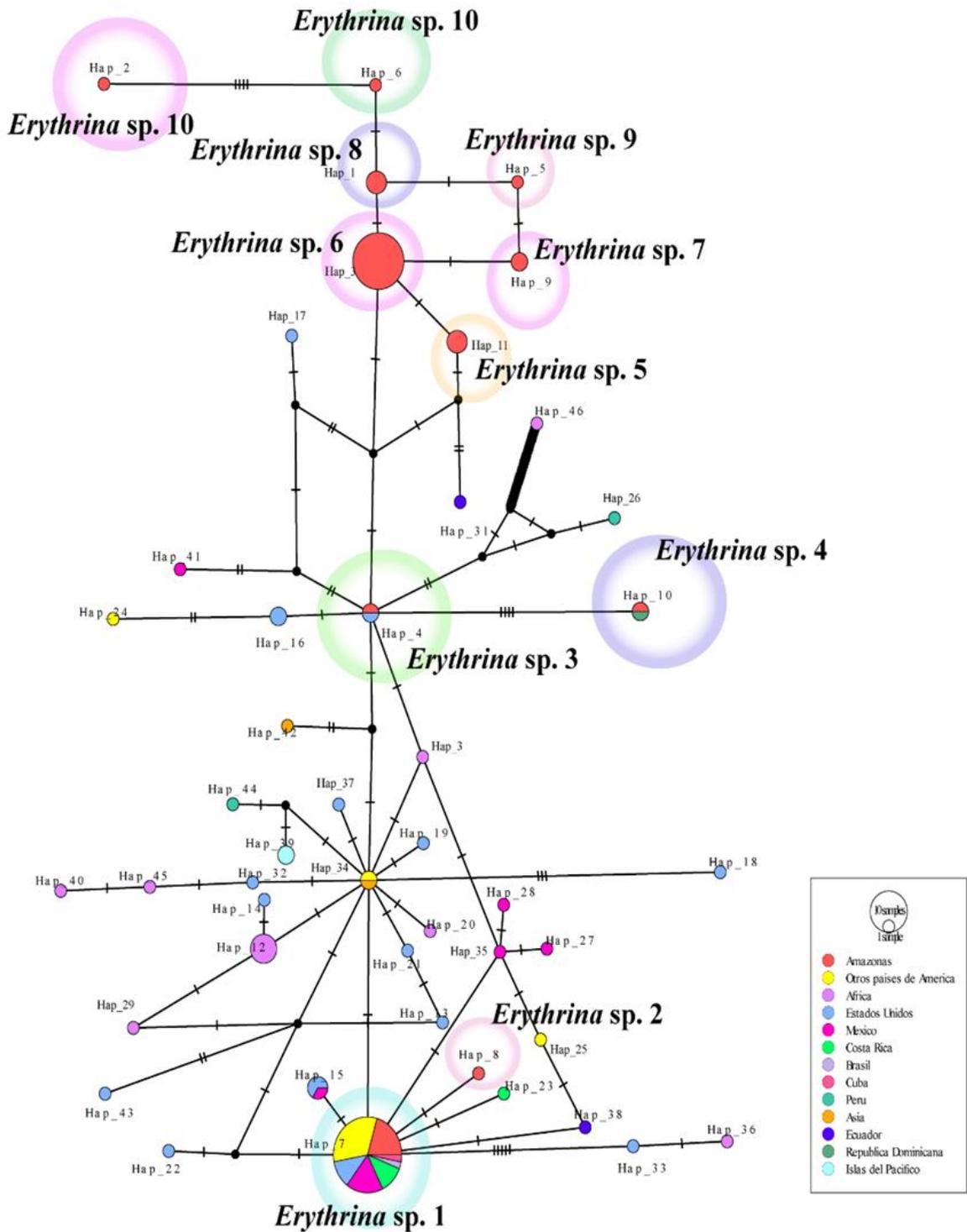


Figura 16. Red de haplotipos global (Individuos de Amazonas+ secuencias de Genbank). Las elipses de colores encierran al haplotipo identificado en la región Amazonas, así mismo, se menciona el grupo genético al que corresponden. Las líneas perpendiculares en las ramas representan los pasos mutacionales

3.2. Análisis de distribución de *Erythrina* spp.

En este sentido, el análisis de distribución se realizó a nivel de género (*Erythrina* spp), debido a que en el análisis filogenético no se logró identificar los especímenes a nivel de especie. Por otro lado, la asignación de especies de *Erythrina* de la base de datos GBIF se realizó considerando únicamente observaciones morfológicas lo que le restaría validez a la identificación especímenes y precisión al análisis de distribución si es que se realizaría como especies separadas.

El análisis de distribución de *Erythrina* spp., realizado usando el modelo *Maxent*, obtuvo un valor de área bajo la curva (AUC) de 0.877 (Figura 17), que se considera bueno ($0.8 < \text{AUC} < 0.9$). La Figura 18 muestra los resultados de la prueba Jackknife de importancia variable e identificó que las variables rango de temperatura anual (bio07), estacionalidad de las precipitaciones (bio15), elevación sobre el nivel medio del mar (dem), radiación solar (srad), precipitaciones del trimestre más cálido (bio18) y pH en H₂O (pH) contribuyeron en gran medida al modelo (Figura 19). Por otro lado, la variable ambiental con mayor ganancia cuando se usa de forma aislada fue el rango de temperatura anual (bio07), por lo tanto, parece tener la información más útil por sí sola. La variable ambiental que más disminuye la ganancia cuando se omite es el pH, y por lo tanto parece tener la mayor información que no está presente en las otras variables de distribución biogeográfica de *Erythrina* spp (Tabla 17).

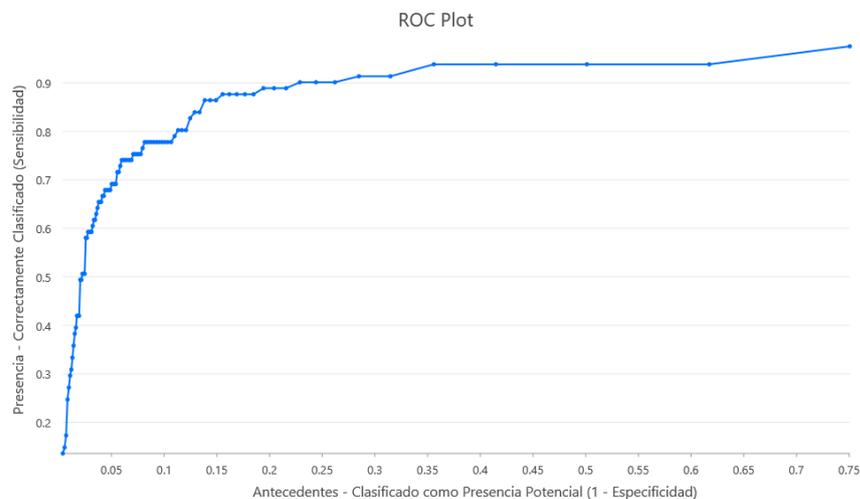


Figura 17. Curva de características operativas del receptor (ROC).

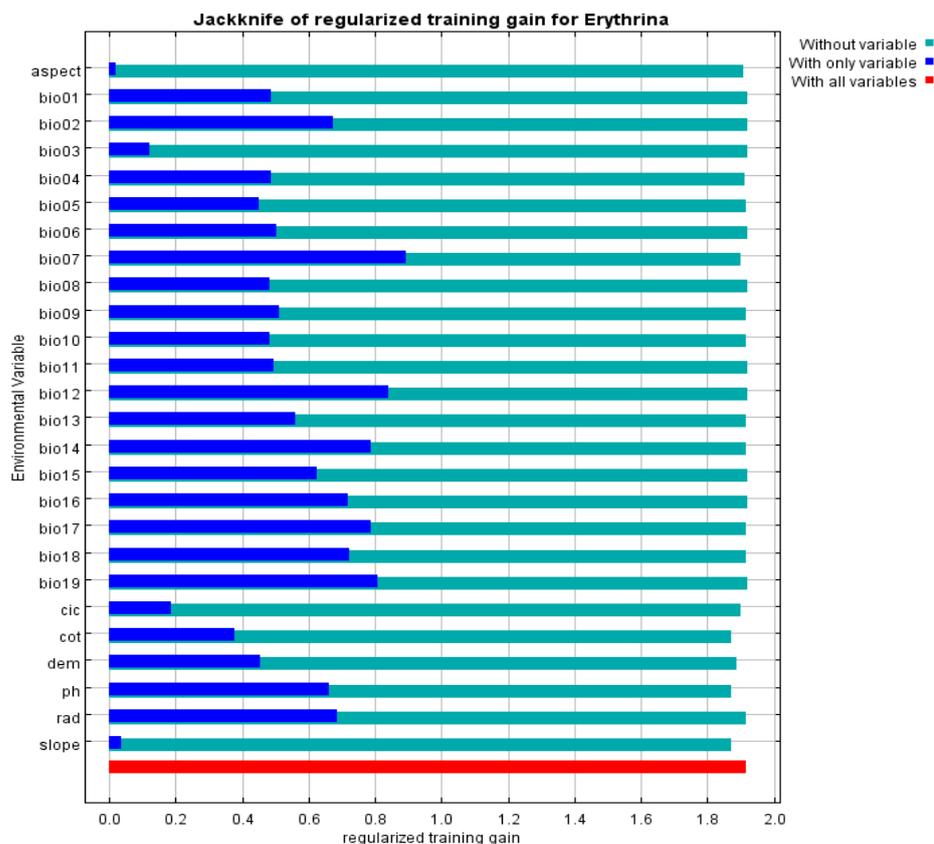


Figura 18. Resultados de la prueba Jackknife de importancia variable.

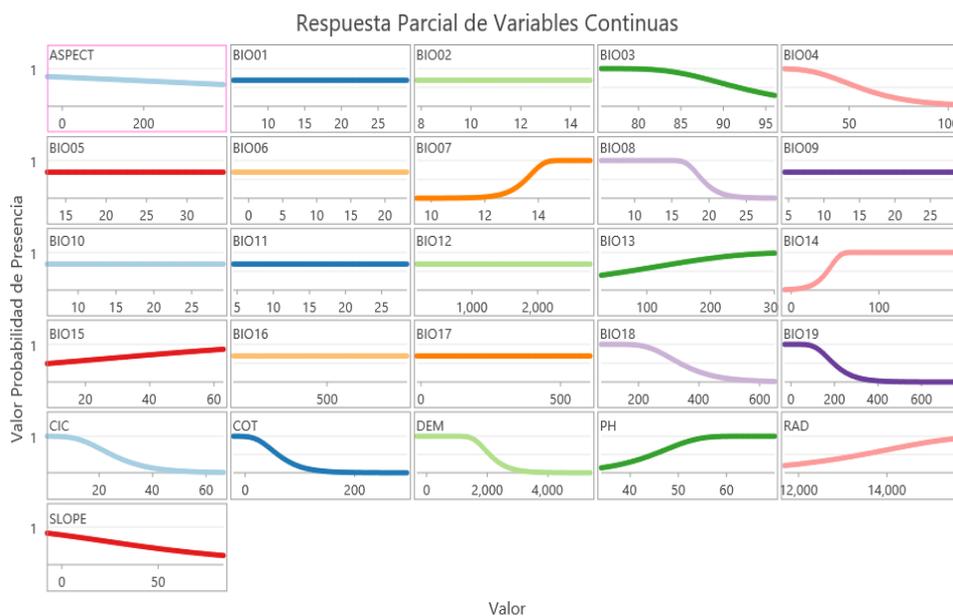


Figura 19. Probabilidad de ocurrencia del género *Erythrina* spp. Curvas muestran cómo cada variable ambiental afecta la predicción de Maxent. La variable ambiental con mayor ganancia, cuando se usa de forma aislada, fue el rango de temperatura anual (bio07). La variable ambiental que más disminuyó la ganancia cuando se omite fue el pH.

Tabla 17. Variables ambientales (bioclimáticas, topográficas y edáficas), usadas en la predicción mediante modelación en Maxent, en **negrita las variables con mayor contribución porcentual al modelo, por ende, las más importantes.**

Variable	Unidades	Símbolo	Contribución porcentual
Bioclimático			
Isotermalidad	°C	bio03	0.2
Estacionalidad de la temperatura	°C	bio04	3.4
Temperatura máxima del mes más cálido	°C	bio05	0.1
Temperatura mínima del mes más frío	°C	bio06	0.3
Rango de temperatura anual	°C	bio07	31.1
Temperatura media del trimestre más húmedo	°C	bio08	1
Temperatura media del trimestre más seco	°C	bio09	0,7
Precipitación anual	milímetros	bio12	3.9
Precipitación del mes más lluvioso	milímetros	bio13	1.3
Precipitación del mes más seco	milímetros	bio14	1
Estacionalidad de las precipitaciones	milímetros	bio15	15.6
Precipitación del trimestre más húmedo	milímetros	bio16	0,7
Precipitaciones del trimestre más cálido	milímetros	bio18	8.1
topográfico			
Elevación sobre el nivel medio del mar	msnm	DEM	10.8
pendiente del terreno	°	pendiente	4.2
Orientación cardinal de la pendiente.	°	aspecto	0,8
Edáfico a 0,30 m			
pH en H₂O	pH × 10	pH	5.2
Capacidad de intercambio catiónico	cmol kg ⁻¹	cec	0,4
Carbón orgánico	gramos kg ⁻¹	social	2.5
Radiación solar	MJ m⁻² día⁻¹	srad	8.4

Por otro lado, se identificaron las áreas de distribución potencial de hábitat del género *Erythrina* teniendo un área de 1931.108 km² (4.9%) de alta probabilidad de ocurrencia; un área de 1151.002 km² (2.9%) de moderada probabilidad; 2 485.55 km² (6.4%) de baja probabilidad y 33572.606 km² (85.8%) como hábitat no apto para *Erythrina* spp. Esta distribución potencial de hábitat cubre principalmente las provincias de Chachapoyas y Luya, seguido en menor proporción por Bongará, Utcubamba y Rodríguez de Mendoza y en una casi nula cantidad de distribución potencial en Condorcanqui y Bagua (Figura 20).

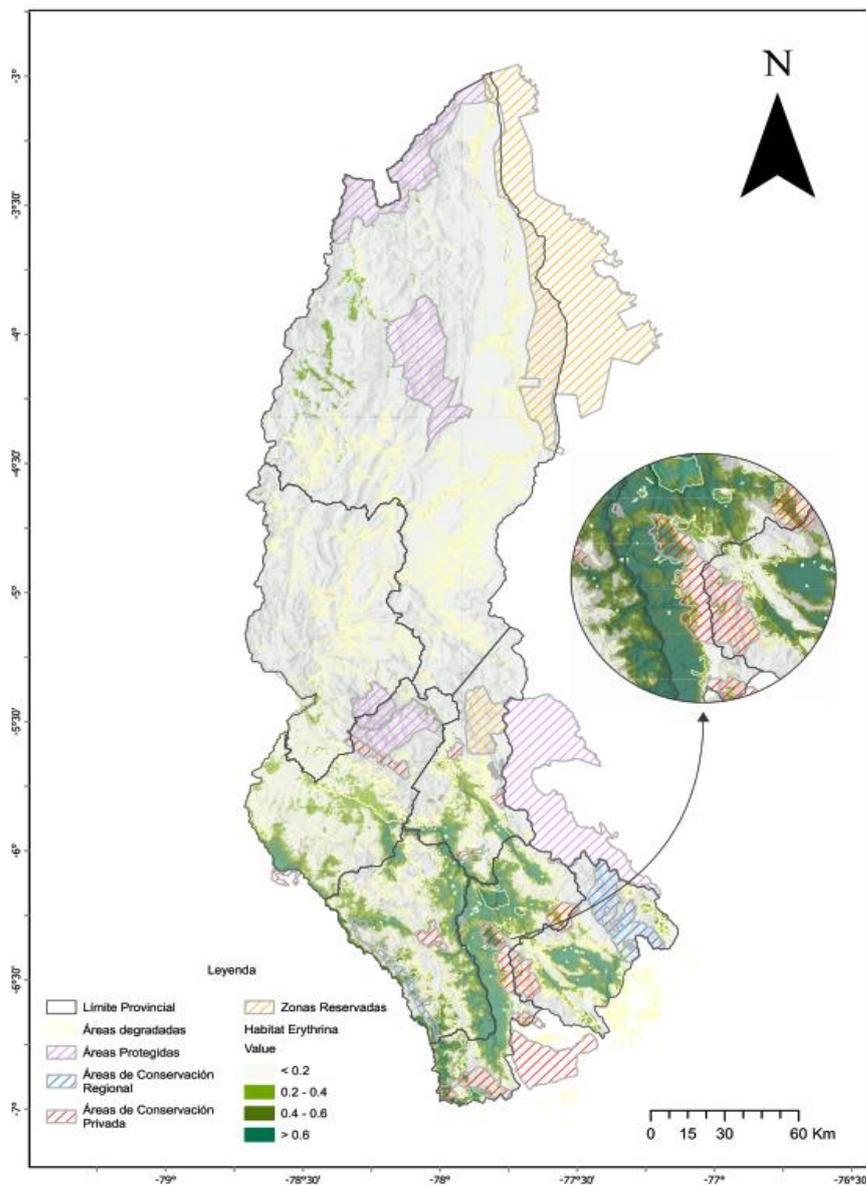


Figura 20. Mapa de distribución potencial de hábitat del género *Erythrina*, tanto para áreas para conservación como para restauración de áreas degradadas en la región Amazonas.

Además, se identificaron áreas de probabilidad alta, moderada y baja, respectivamente, de ocurrencia del género *Erythrina* en áreas naturales protegidas teniendo que las Áreas de conservación Privada albergan, en aproximadamente 21364.87 hectáreas, la existencia del género, seguido de las Áreas de Conservación Regional con 6127.19 hectáreas, Santuario Nacional con 1431.01 hectáreas, Reserva Comunal 56.82 hectáreas y Zonas de Reservadas con 22.34 hectáreas (Tabla 18), información que será de utilidad para potenciar la conservación de la especie en las diferentes modalidades de ANP. Por último, se analizó las zonas de probabilidad de ocurrencia del género *Erythrina* con las áreas degradadas por provincias (Tabla 19), se observó que gran parte de estas áreas son hábitats potenciales para *Erythrina* spp., lo que manifestaría que con prácticas adecuadas de manejo y conservación se podría contar con nuevas áreas para el crecimiento de *Erythrina* spp.

Tabla 18. Área de distribución potencial total prevista que se encuentra protegida bajo las modalidades de Área Natural Protegida para el género *Erythrina*.

Modalidades de ANP	Área Geográfica (ha)	Bajo		Moderado		Alto	
		ha	%	ha	%	ha	%
Zonas Reservadas	22.34	22.34	100	0	0	0	0
Áreas de Conservación Regional	6127.19	3370.37	55.01	1556.88	28.3034	1199.94	19.58
Áreas de Conservación Privada	21364.87	11191.86	52.38	4599.38	87.8006	5573.64	26.09
Reserva Comunal	56.82	56.82	100	0	0	0	0
Santuario Nacional	1431.01	1250.37	87.38	180.64	20.674	0	0

Tabla 19. Provincias de Amazonas con área potencial de recuperación de áreas degradadas con el género *Erythrina* en Amazonas

Provincia	Área Degradada (ha)	Bajo		Moderado		Alto	
		ha	%	ha	%	ha	%
Bagua	4,287.13	3,891.18	90.76	374.98	8.75	20.97	0.49
Bongará	45,152.25	20,855.14	46.19	9,700.47	21.48	14,596.63	32.33
Chachapoyas	126,427.08	28,916.16	22.87	28,039.47	22.18	69,471.45	54.95
Condorcanqui	1,003.99	972.26	96.84	31.73	3.16	0.000	0.000
Luya	115,712.997	45,165.52	39.03	29,675.57	25.65	40,871.92	35.32
Rodríguez de Mendoza	57,969.779	19,140.33	33.02	11,010.08	18.99	27,819.37	47.989
Ucubamba	78,190.54	51,229.34	65.52	13,704.6	17.53	13,256.596	16.95

IV. DISCUSIÓN

El seguimiento tanto al número y a la diversidad de las especies dentro de un área puede ayudar a entender cómo la biodiversidad puede contribuir a contrarrestar los efectos del cambio climático (Escobar-Mamani & Pulido, 2021). Sin embargo, mucha de esta diversidad vegetal ha sido subestimada y un alto porcentaje de éstas aún no han sido registradas (Oré et al., 2022, Catalogue of Life, 2021, de Haan et al., 2021). Estos vacíos de información generan pérdidas genéticas en la biodiversidad que pueden llevar a la pérdida de una especie. Es por ello, necesario la conservación de estos recursos genéticos y los primeros pasos para protegerlos es el muestreo, la identificación precisa y el estudio de muestras biológicas (Oshingboye, 2017, Velásquez et al., 2019, Dhakad et al., 2020). En este estudio se realizó una exploración del género *Erythrina* presentes en Amazonas.

Los marcadores *trnL-trnF* y *matK* han sido los más utilizados en la sistemática molecular del género *Erythrina* (Bedout-Mora et al., 2022), y actualmente existen alrededor de 147 secuencias de *Erythrina* spp. de ambos marcadores generadas (74 *trnL-trnF* y 73 *matK*) y depositadas en la base de datos de GenBank (National Center for Biotechnology Information, 2017).

Los análisis con los marcadores *trnL-trnF* y *matK*, distinguieron 12 y 11 grupos genéticos, respectivamente, de los cuales solo dos grupos genéticos se agruparon cercanamente con otras secuencias descargadas de GenBank, i) *Erythrina* sp. 3, quien se agrupó con *Erythrina ulei* (MT023876) y *Erythrina poeppigiana* (MT023876) usando el marcador *trnL-trnF*, y usando el marcador *matK* y ii) *Erythrina* sp. 4 se agrupó con *Erythrina poeppigiana* (MK263505), especies previamente reportadas en la región Amazonas (Araujo, 2005). Las distancias genéticas tanto para máxima verosimilitud y probabilidad bayesiana son bajas, por lo que existe una alta cantidad de politomías entre los individuos (tanto de los estudiados y los descargados de la base de datos), lo que generó que la distinción de secuencias no sea tan precisa. Algunos estudios resaltan que los análisis filogenéticos de la

familia Fabaceae usando el marcador *trnL-trnF* son menos exitosos en comparación con otros marcadores, tales como *matK* y *rbcL* (De Mattia, 2012; Oshingboye, 2017; Nader *et al.*, 2021). Por otro lado, en el presente estudio se utilizaron los cebadores universales *trnL-e* (forware) y *trnL-f* (reverse), mientras que otros estudios que utilizaron *trnL-c* (forware) y *trnL-f* (reverse) obtuvieron resultados más satisfactorios (Susanna, 2006).

Por otro lado, el marcador *matK* proporcionó altas y mayor información de distancias genéticas (De Mattia, 2012; Oshingboye, 2017; Nader *et al.*, 2021), sin embargo, algunas secuencias también presentaron politomías (Li *et al.*, 2011; Federici *et al.*, 2013 y Gong *et al.*, 2015).

En cuanto a distancias genéticas, la región *trnL-trnF* mostró mayor divergencia interespecífica (<4.1%) y un índice de fijación de 0.163 que indica alta diferenciación entre los individuos (Oshingboye, 2017), mientras que *matK* presentó menor divergencia interespecífica (<2.86%) y un índice de fijación de 0.137 lo que indica una moderada diferenciación entre los individuos (Sun *et al.*, 2015 y Liu, *et al.*, 2018), posiblemente debido a su modo conservador de la evolución (Badr *et al.*, 2020). Entre las poblaciones de Bagua y Bongará se encontró muy alta diferenciación genética para ambos marcadores ($F_{st} \text{trnL-trnF} = 0.76661$ y $F_{st} \text{matK} = 0.89501$), posiblemente asociada a la distancia entre estas dos poblaciones (67 kilómetros) o factores ambientales, tales como la altitud (421-1991 msnm) (Cerdeira *et al.*, 2019; Hernández-Rodríguez *et al.*, 2021).

El análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad reveló una alta diversidad de haplotipos (*trnL-trnF* de $H_d = 0.7468$ y *matK* $H_d = 0.71977$), sugiriendo que existe una alta diversidad dentro del género *Erythrina* sp. en Amazonas que aún no ha sido delimitada ni identificada, y que dicha diversidad puede atribuirse a las condiciones ambientales óptimas para el crecimiento de *Erythrina* spp., y la influencia de las mismas tales como suelos siempre húmedos, del tipo franco arenosos, franco arcillosos y/o ligeramente calcáreos, , áreas con

altitudes de 150 msnm- 3200 msnm, precipitación entre 2000 mm- 4000 mm y una temperatura de 16 °C a 28 °C (Avedaño, 2014). En cuanto a los valores de Tajima's D para *trnL-trnF* y *matK*, en todas las poblaciones, excepto Bagua y Rodríguez de Mendoza, se obtuvieron valores significativamente negativos, sugiriendo que las poblaciones están creciendo a partir de pocos individuos o probablemente se esté dando un efecto fundador, además señalaría que la mayor parte de los polimorfismos serían consecuencia de cambios en una única base (singleton) (Villanueva, 2018).

Los análisis moleculares de varianza (AMOVA) en poblaciones de Amazonas confirmaron en ambos marcadores que la mayor parte de diversidad genética se encuentra dentro de cada población (*trnL-trnF* =83.66 y *matK* =84.24%). En literatura se ha comprobado que las especies ancestrales y las de fecundación cruzada mantienen la variabilidad genética dentro de las poblaciones (Hamrick & Godt, 1989). Lo anterior es posible debido a que los valores de diversidad de haplotipo (Hd) de las poblaciones son superiores a 0.5, y los niveles de varianza molecular altos dentro de las poblaciones, condiciones que definen una diversidad haplotípica alta (Linares-Holguín *et al.*, 2016). La estimación de esta variación genética global debe considerarse con precaución debido a que los tamaños de muestra fueron variables y en muchos casos muy pequeñas.

Los métodos que se utilizan para elaborar las redes de haplotipos están diseñados para modelar el pasado evolutivo mediante coalescencia, basado en el concepto que los alelos en una población pueden rastrearse en el tiempo hasta el punto que coalescen en un alelo ancestral (Linares-Holguín *et al.*, 2016). De este modo, los haplotipos ancestrales o más distribuidos para *trnL-trnF* fueron Hap_5 y Hap_6, los cuales estuvieron presentes en las provincias de Bagua, Chachapoyas, Rodríguez de Mendoza, Luya (Hap_5) y Utcubamba (Hap_6). Usando el marcador *matK*, se los haplotipos predominantes fueron Hap_3 y Hap_7, presentes en las provincias de Bagua (Hap_7), Bongará (Hap_3), Chachapoyas, Luya (Hap_3), Rodríguez de Mendoza (Hap_7)

y Utcubamba. Se identificó haplotipos únicos ubicados en diferentes provincias de Amazonas: i) Hap_5 (red de *trnL-trnF*), presente en la provincia de Chachapoyas, Bagua y Luya, ii) Hap_6 (red de *trnL-trnF*) encontrado en Chachapoyas, Bagua, Rodríguez de Mendoza y Utcubamba, iii) Hap_3 (red de *matK*) hallado en Chachapoyas, Bongará, Luya y Utcubamba iv) Hap_7 (red de *matK*) presente únicamente en Chachapoyas, Bagua, Rodríguez de Mendoza y Utcubamba. Estos resultados serán de utilizadas para que estas provincias desarrollen e implementen estrategias de conservación para el género *Erythrina* a fin de evitar la pérdida de la información genética. Por otro lado, los haplotipos más alejados a estas secuencias son los haplotipos más recientes, i) para el marcador *trnL-trnF* fueron los haplotipos Hap_1, Hap_3, Hap_7 y Hap_8 y ii) para el marcador *matK* fueron los haplotipos Hap_2, Hap_4, Hap_5, Hap_6, Hap_8, Hap_9, y Hap_10. La aparición de estos haplotipos no compartidos puede ser consecuencia de mutaciones asociadas a eventos de colonización de nichos ecológicos nuevos (Hernández-Rodríguez *et al.*, 2021).

En cuanto, al análisis de distribución potencial del género *Erythrina* en Amazonas bajo condiciones climáticas actuales permitió conocer el hábitat óptimo para el desarrollo de la especie y las variables que tuvieron mayor contribución. Sin embargo, es necesario conocer que en la distribución también influyen variables biogeográficas, las limitaciones históricas o evolutivas junto con factores biogeográficos, fisiológicos y ecológicos (Elith *et al.*, 2006).

Por otro lado, también se identificó que parte de la distribución potencial está ubicada en áreas de conservación o coinciden con áreas degradadas en la región Amazonas. Donde las áreas de conservación regional y las áreas de conservación privada poseen las condiciones de hábitat adecuados para el crecimiento de *Erythrina* spp., lo que implicaría que se deben realizar exploraciones de este género en estas áreas, a fin de identificar poblaciones ancestrales para realizar actividades de conservación de material genético a largo plazo, debido a que, el uso y el aprovechamiento de este recurso en las áreas de

conservación por ley están sujetas a regulaciones de uso y aprovechamiento (Silvestri,2016).

En cuanto a las áreas degradadas, la mayor superposición presenta las provincias de Chachapoyas (126,427.08 hectáreas), Luya (115,712.997 hectáreas), Rodríguez de Mendoza (57,969.78 hectáreas), lo que genera información que podrá ser utilizada para la recuperación de estas áreas implementando estrategias de reforestación, aprovechando el potencial fijador de nitrógeno (Escamilo, 2012).

V. CONCLUSIONES

- En este estudio se encontraron 12, 11 y 10 grupos genéticos usando los marcadores moleculares *trnL-trnF*, *matK* y data concatenada (*trnL-trnF+matK*), respectivamente, siendo Chachapoyas, la provincia con mayor cantidad de grupos genéticos encontrados. No se pudo llegar a un nivel de identificación de especies debido a la poca variedad de marcadores moleculares depositadas en la base de datos del GenBank y la falta de secuencias homologas para algunas especies de *Erythrina* reportadas previamente en Amazonas y el Perú.
- Se encontraron 9 y 11 haplotipos para *trnL-trnF* y *matK*, respectivamente, siendo los haplotipos ancestrales Hap_5 y Hap_6 (*trnL-trnF*) y Hap_3 y Hap_7 (*matK*). Se identificaron haplotipos únicos ancestrales ubicados en diferentes provincias de Amazonas: i) Hap_5 (red de *trnL-trnF*), ii) Hap_6 (red de *trnL-trnF*), iii) Hap_3 (red de *matK*), iv) Hap_7 (red de *matK*). Se resalta la importancia de conservar los haplotipos ancestrales en estas provincias para evitar pérdidas de información genética.
- El análisis de diversidad genética y prueba de neutralidad reveló una alta diversidad de haplotipos (*trnL-trnF* de $Hd=0.7468$ y *matK* $Hd=0.71977$), sugiriendo que existe una alta diversidad dentro del género *Erythrina* sp. en Amazonas que aún no ha sido identificada.

- La alta diversidad de haplotipos registrada en Amazonas puede atribuirse a las condiciones ambientales óptimas para el crecimiento de *Erythrina* spp., que se relacionan a las variables más importantes obtenidas en *Maxent*, tales como, i) rango de temperatura anual (bio07), de 16 °C-28 °C, ii) estacionalidad de las precipitaciones (bio15), de 2000 mm- 4000 mm, iii) elevación sobre el nivel medio del mar (dem), de 1 50 msnm- 3200 msnm, iv) radiación solar (srad), v) precipitaciones del trimestre más cálido (bio18) y vi) pH en H₂O (pH) en suelos ligeramente ácidos.
- El análisis de la distribución potencial de hábitat del género *Erythrina* identificó un área de 1931.108 km² (4.9%) de alta probabilidad de ocurrencia; un área de 1151.002 km² (2.9%) de moderada probabilidad; 2485.55 km² (6.4%) de baja probabilidad y 33572.606 km² (85.8%) como hábitat no apto. Este análisis también brindó información de los sitios de presencia de *Erythrina* spp. en áreas de conservación destacando las áreas de conservación regional y las áreas de conservación privada como zonas potenciales para la conservación genética de la especie, mientras que, en las áreas degradadas, la mayor superposición se observó en las provincias de Chachapoyas, Luya y Rodríguez de Mendoza las que podrían ser recuperadas implementando estrategias de Reforestación con el género *Erythrina*.

VI. RECOMENDACIONES

- Con el fin de desentrañar la filogenia de *Erythrina* spp., y darle más soporte estadístico, se recomienda realizar el análisis usando otros marcadores moleculares, tales como ITS y *rbcL*, los cuales han tenido buenos resultados en otras especies de la familia Fabaceae. Además, se podría usar otros cebadores para el marcador *trnL-trnF*, por ejemplo, *trnL-c* (forward) y *trnL-f* (reverse), ya que en otros estudios en Fabaceae se obtuvieron resultados más satisfactorios y se podría llegar a tener un mayor número de pares de bases (> 750 pb).
- Abarcar un mayor número de individuos por cada población para evitar subestimaciones, y para entender mejor la dinámica evolutiva. Además, se recomienda apoyarse del análisis de distribución para poder identificar puntos clave para la recolección más homogénea de las muestras.
- Combinar metodologías de identificación morfológica y análisis moleculares, ya que en su mayoría las secuencias de la base de datos presentan politomías, y esta combinación ayudaría a generar nuevas secuencias con marcadores más eficientes para el género *Erythrina* apoyándose inicialmente en metodologías de identificación morfológica.
- Si se implementan estrategias de recuperación de áreas degradadas, tomar en cuenta que es muy importante mantener la diversidad genética, por lo que la planificación de estas de estrategias debe valerse de variables climáticas de la zona a recuperar, así como de otros factores propios de la zona.

VII. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abdullah, Henriquez, C.L.; Mehmood, F.; Shahzadi, I.; Ali, Z.; Waheed, M.T.; Croat, T.B.; Poczai, P.; Ahmed, I. (2020). Comparison of chloroplast genomes among Species of unisexual and bisexual clades of the monocot family Araceae. *Plants*, 9:737.
- Abd El-Ghani, M.; El-Sayed, A.; Moubarak, A.; Rashad, R.; Nosier, H.; Khattab, A. (2021). Biosystematic study on some Egyptian species of *Astragalus* L. (Fabaceae). *Agriculture*, 11:125.
- Arango, O., Bolaños, V., Ricaurte, D., Caicedo, M., y Guerrero, Y. (2012). Obtención de un extracto proteico a partir de harina de chachafruto (*Erythrina edulis*). *Universidad y Salud*, 14(2), 161- 167.
- Araujo, V. (2005). Estudio taxonómico e histológico de seis especies del género *Erythrina* L. (Fabaceae). Tesis para optar el grado académico de Magister en Botánica tropical con mención a taxonomía y sistemática evolutiva. Universidad Mayor de San Marcos.
- Arif, I.; Bakir, M.; Khan, H.; Al Farhan, A.; Homaidan, A.; Bahkali, A.; Al Sadoon, M. & Shobrak, M. (2010). A brief review of molecular techniques to assess plant diversity. *International Journal of Molecular Sciences*, 11, 2079-2096.
- Avendaño, N. & Castillo, A. (2014). El género *Erythrina* L. (Leguminosae Faboideae) en Venezuela. *Acta botánica VENEZ.* 37 (2): 123-164.
- Bai, Y., Wei, X., & Li, X. (2018). Distributional dynamics of a vulnerable species in response to past and future climate change: a window for conservation prospects. *PeerJ*, 6, e4287.
- Badr A, El-Sherif N, Aly S, Ibrahim SD, Ibrahim M. (2020). Genetic Diversity among Selected *Medicago sativa* Cultivars Using Inter-Retrotransposon-Amplified Polymorphism, Chloroplast DNA Barcodes and Morpho-Agronomic Trait Analyses. *Plants*. 9(8):995.
- Bedout-Mora, M., Solis-Ramos, L., Valverde-Barrantes, O., Rojas-Jiménez, K. (2022). Capacidad de nodulación en especies forestales leguminosas (Fabaceae) según su filogenia y características morfológicas. *Revista Forestal Mesoamericana Kurú*, 19 (45)

- Bermúdez-Torres, K.; Ferval, M.; Hernández-Sánchez, A.; Tei, A.; Gers, C.; Wink, M. & Legal, L. (2021). Molecular and chemical markers to illustrate the complex diversity of the genus *Lupinus* (Fabaceae). *Diversity*, 13: 263.
- Botstein, D., White, R. L., Skolnick, M., & Davis, R. W. (1980). Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. *American journal of human genetics*, 32(3), 314–331.
- Catalogue of life. (2021). *Erythrina* (genus in Fabaceae). Recuperado de: <https://www.catalogueoflife.org/about/catalogueoflife.html>
- Cai, Z; Li, P.; Dong, T. & Tsim, K. (1999). Molecular diversity of 5S-rRNA spacer domain in *Fritillaria* species revealed by PCR analysis. *Planta Medica*, 65: 360–364
- Cerdeira, E., Saidman, B., & Pometti, C. (2019). Evidencias de estructura poblacional y estructura genética espacial a escala fina en poblaciones argentinas de *Acacia furcatispina* (Fabaceae). *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica*, 54(1), 1-5
- Cotrina, A.; Rojas Briceño, N.; Bandopadhyay, S.; Ghosh, S.; Torres, C.; Oliva, M.; Guzman, B.; Salas, R. (2021) Biogeographic Distribution of *Cedrela* spp. Genus in Peru Using MaxEnt Modeling: A Conservation and Restoration Approach. *Diversity*, 13, 261.
- Dhakad, A., Shukla, S., Chandra, A., Thakur, A. y Barthwal, S. (2020). Estudios de identificación molecular y filogenética de *Erythrina arborescens* Roxb. *Indian Forester*, 146 (1), 55-62.
- De Haan, S., Zeigler, M., & Guzman, F. (2021). LOS ANDES Y LOS ALIMENTOS DEL FUTURO 50 Andean Future Foods. Centro Internacional de la Papa (CIP).
- De Luca, A.; Sibilio, G.; De Luca, P. & Del Guacchio, E. (2018). DNA Barcoding to Confirm the Morphological identification of the coral trees (*Erythrina* spp., Fabaceae) in the ancient gardens of Naples (Campania, Italy). *Plants*, 7:43.
- De Mattia, F.; Gentili, R.; Bruni, I.; Galimberti, A.; Sgorbati, S.; Casiraghi, M. & Labra, M. (2012). A multi-marker DNA barcoding approach to save time and resources in vegetation surveys. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 169, 518–529.

- Du, Z.; He, Y.; Wang, H.; Wang, C.; Duan, Y. (2021) Potential Geographical Distribution and Habitat Shift of the Genus *Ammopiptanthus* in China under Current and Future Climate Change Based on the MaxEnt Model. *Journal of Arid Environments*, 184, 104328.
- Dudu, A., Barbalata, T., Popa, G., Georgescu, S., Barbălată, T., Popa, G.-O., Costache, M. (2016). Advantages and limitations of DNA barcoding in identifying commercially- exploited fish species. *Scientific Papers: Animal Science and Biotechnologies*, 49(1), 49.
- Edgar R.(2004). MUSCLE: a multiple sequence alignment method with reduced time and space complexity. *BMC Bioinformatics*, 19;5:113.
- Edler, D., Klein, J., Antonelli, A., & Silvestro, D. (2019). raxmlGUI 2.0 beta: a graphical interface and toolkit for phylogenetic analyses using RAxML. *bioRxiv*.
- Elith, J.; Graham, CH; Anderson, RP; Dudík, M.; Ferrier, S.; Guisán, A.; Hijmans, RJ; Huettmann, F.; Leathwick, JR; Lehmann, A.; et al. (2006). Los métodos novedosos mejoran la predicción de la distribución de las especies a partir de datos de presencia. *Ecografía*, 29, 129-151.
- Elit, J.; Phillips,S.; Hastie T.; Dudík M.; Chee, Y. & Yates,C.(2011).A statistical explanation of maxent for ecologists. *Diversity and distributions*, 17, pp. 43 – 57
- Elith, J. y Leathwick, J. (2019). Species Distribution Models: Ecological Explanation and Prediction across Space and Time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40, 677–697.
- Escamilo, S. (2012). El Pajuro (*Erythrina edulis*) alimento andino en extinción. *Investigaciones sociales*, 16 (28):16-20.
- Escobar-Mamani, F., & Pulido Capurro, V. (2021). Biodiversidad y científicos viajeros: una visión desde los Andes. *Revista De Investigaciones Altoandinas - Journal of High Andean Research*, 23(1), 5–9.
- Esteves, S.; Vicentini, A. (2013). Cryptic species in *Pagamea coriacea* sensu lato (Rubiaceae): evidence from morphology, ecology and reproductive behavior in a sympatric context. *Acta Amazonica*, 43: 415-428.

- Fernández, R. (2010). Importancia y ventajas de *Erythrina sp.* en sistemas agroforestales. *Revista Xilema*, 23:1.
- Federici, S., Galimberti, A., Bartolucci, F., Bruni, I., De mattia, F., Cortis, P. & Labra, M. (2013). DNA barcoding to analyse taxonomically complex groups in plants: the case of *Thymus* (Lamiaceae). *Botanical Journal of the Linnean Society*, 171(4), 687-699.
- Flaga, J.; Przybyło, M. & Górka, P.(2021).Gene expression analysis with no sequence data: Study on reeves's Muntjac (*Muntiacus reevesi*). *Current Issues in Molecular Biology*, 43, 1576-1582.
- Fielding, A. & Bell, J. (1997). A review of methods for the measurement of prediction errors in conservation presence / absence models. *Environmental Conservation*, 24, pp. 38-49.
- Fu YX, Li WH. (1993) Statistical tests of neutrality of mutations. *Genetics*.133(3):693-709.
- Friedheim, S. (2016). Comparison of species identification methods DNA barcoding versus morphological taxonomy. *DNA barcoding versus Morphological Taxonomy*, 20(1), 74–86.
- Global Biodiversity Information Service (GBIF). (2021). GBIF backbone taxonom. Recuperado de: <https://doi.org/10.15468/39omei>
- Gómez, A. (2012). Caracterización con marcadores moleculares rams (Random amplified microsatellites) de algunas especies del género *Erythrina* presentes en Colombia. Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira.
- Gong, W., Liu, Y., Chen, J., Hong, Y. & Kong, H. (2015). DNA barcodes identify Chinese medicinal plants and detect geographical patterns of *Sinosenecio* (Asteraceae). *Journal of systematics and Evolution*, 54(1), 83-91.
- Guernaoui, S., Hamarsheh, O., Garcia, D., Fontenille, D., & Sereno, D. (2020). Population genetics of *phlebotomus papatasi* from endemic and nonendemic areas for zoonotic cutaneous leishmaniasis in morocco, as revealed by cytochrome oxidase gene subunit i sequencing. *Microorganisms*, 8(7), 1–12.

- Hamrick, J. & Godt, M. (1989). Allozyme diversity in plant species. En: Brown AHD, Clegg MT, Kahler AL, Weir BS, eds. Plant population genetics, breeding and genetic resources. Sunderland, MA: Sinauer, 43–63.
- Hernandez, D., Delfin, H., & Mel, A. (2012). Predictive models review of species in biological control. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 15, 121-132.
- Hernández-Rodríguez, S., Vallejo, R., Camejo, J., de Celis, A., Palmarola, A., Albelo, N., & Testé, E. (2021). Estructura poblacional de *Erythrina elenae* (*Fabaceae*) en el Paisaje Natural Protegido Topes de Collantes, Cuba - Population structure of *Erythrina elenae* (*Fabaceae*) in the Protected Natural Landscape Topes de Collantes, Cuba. *Revista Del Jardín Botánico Nacional*, 42, 157–161.
- Kaeslin, E., Redmon, I. & Dudley, N., (2012). Wildlife in a changing climate. Rome, Italy: Forest Document of the food and agriculture organization of the United
- Kazempour Osaloo, S.; Maassoumi, A.; Murakami, N. (2005). Molecular systematics of the old world *Astragalus* (*Fabaceae*) as inferred from nrDNA ITS sequence data. *Brittonia*, 57: 367–381.
- Kumar, S.; Stecher, G.; Tamura K. (2016). MEGA7: Molecular evolutionary genetics analysis version 7.0 for bigger datasets. *Molecular Biology and Evolution*, 33(7):1870-4.
- Kumar, S. & Stohlgren, T. (2009). Maxent modeling to predict suitable habitat for the threatened and endangered tree *Canacomyrica monticola* in New Caledonia. *Journal of Ecology and Natural Environment*, 1, pp. 94 – 98.
- Lanfear, R., Frandsen, P. B., Wright, A. M., Senfeld, T., & Calcott, B. (2016). PartitionFinder 2: New methods for selecting partitioned models of evolution for molecular and morphological phylogenetic analyses. *Molecular Biology and Evolution*, msw260.
- Leigh, J., & Bryant, D. (2015). PopART (v. 1.7; p. Full-feature software for haplotype network constr). *Methods Ecol Evol* 6(9). <http://popart.otago.ac.nz/howtocite.shtml>
- Lenoir, J.; Gegout, J.; Marquet, P.; de Ruffray, P.; Brisse, H. (2008). Significant Upward Shift in Plant Species Optimum Elevation during the 20th Century. *Science*, 320, 1768–1771.

- Li, F-W., Kuo, L-Y., Rothfels, C., Ebihara, A., Chiou, W-L., Windham, M. & Pryer, K. (2011). *rbcL* and *matK* Earn Two Thumbs Up as the Core DNA Barcode for Ferns. *Plos One*, 6(10): e26597.
- Linares-Holguín, O; Sánchez-Peña, P. & Molina-Freaner, F. (2016). Diversidad genética de la región intergénica (*TrnL-F*) de cloroplastos en poblaciones de *Pholisma Culiacanum* Y. *Agrociencia*, 50(7), 799-809.
- Linneo, C. (1753). *Species plantarum*. (1ra ed). Londres: Paris.
- Mejía, M.; Jaramillo, A. Y Barrera, N. (1993). Estudios preliminares sobre desarrollo y manejo de la semilla de chachafruto, *Erythrina edulis*. *T. Acta Agronómica*, 43(1-4), 57-68.
- Liu, W.; Kong, H.; Zhou, J.; Fritsch, P.W.; Hao, G.; Gong, W. (2018). Complete Chloroplast Genome of *Cercis chuniana* (Fabaceae) with Structural and Genetic Comparison to Six Species in Caesalpinioideae. *International Journal of Molecular Sciences*, 19, 1286.
- Moghaddam, M. & Kazempour-Osaloo, S. (2020). Extensive survey of the *ycf4* plastid gene throughout the IRLC legumes: Robust evidence of its locus and lineage specific accelerated rate of evolution, pseudogenization and gene loss in the tribe Fabaeae. *Plos one*, 15(3): e0229846.
- Moura, L., Lemos, R. Marqués, A. y Stefenon, V. (2019). Ancient and Current Distributions of *Erythrina crista-galli* L. (Fabaceae) in South America. *Floresta e Ambiente*; 26(2).
- Nader R. Abdelsalam, N.; Hasan, M.; Rabie, S., El-wakeel, H.; Zaitoun, A., Ghareeb. A.; Abdelsalam, A.; Aly, H. Ibrahim, A. & Hemeida, A. (2021). Endorsement and Phylogenetic Analysis of some Fabaceae Plants based on DNA Barcoding gene *matK*.
- National Center for Biotechnology Information (NCBI). (2017). GenBank [Base de datos]. <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/genbank/>

- Oré, L.; Díaz, E.; Aguirre, C.; Diaz, J.; Garcia, G.; Diaz, L. y Morán, V. (2022).
Diversidad, abundancia e importancia ecológica de especies vegetales de uso medicinal de la selva tropical en Tingo María, Perú. *Boletín de malariología y salud ambiental*. 62(5): 1055-1066.
- Oshingboye, A. (2017). Molecular Characterization and DNA Barcoding of Arid Land Species of Family Fabaceae in Nigeria. Thesis For the award of the degree of Doctor of Philosophy (Ph.D.). University of Lagos.
- Pearson, R.; Raxworthy, C.; Nakamura, M. & Peterson A. (2007). Townsend prediction of species distribution from a small number of occurrence records: a test case with cryptic geckos in Madagascar. *Journal of Biogeography*, 34, pp. 102 – 117
- Peterson, G.; Dong, Y.; Horbach, C.; Fu, Y-B. (2014). Genotyping-by-sequencing for plant genetic diversity analysis: A lab guide for SNP genotyping. *Diversity*. 6(4):665-680.
- Nations.
- Phillips, S.; Anderson, R. & Schapire, R. (2006). Maximum entropy modeling of geographic distributions of species. *Ecological Modelling*, 190: 231 – 259.
- Phillips, S. (2008). Transferability, sample selection bias, and background data in presence-only models: a response to Peterson et al. and (2007). *Ultrasound*, 31, pp. 272 – 278
- Ponce, P., Muñoz-Tobar, S., Carrasco-Montalvo, A., Villota, S. D., Coloma, J., Wang, C., Holechek, S., & Cevallos, V. (2021). Two haplotypes of *Aedes aegypti* detected by *nd4* mitochondrial marker in three regions of Ecuador. *Insects*, 12(3), 1–14.
- Ronquist F, Teslenko M, Van Der Mark P, Ayres D, Darling A, Höhna S, Larget B, Liu L, Suchard MA, Huelsenbeck JP. (2012) MrBayes 3.2: efficient Bayesian phylogenetic inference and model choice across a large model space. *Systematic Biology* 61, 539–542.
- Silvestri, L. (2016). Conservación de la diversidad genética en el Perú: desafíos en la implementación del régimen de acceso a recursos genéticos y distribución de beneficios. *Revista Peruana de Biología*, 23(1), 73-79.

- Sun, X.; Qu, Y.; Yao, H.; Zhang, Y.; Yan, Q. and Hang, Y. (2015). Applying DNA barcodes for Identification of economically important species in Brassicaceae. *Genetics and Molecular Research* 14(4): 15050-1506.
- Susanna, A.; Garcia-Jacas, N.; Hidalgo, O.; Vilatersana, R. and Garnatje, T. (2006). "THE CARDUEAE (COMPOSITAE) REVISITED: INSIGHTS FROM ITS, *trnL-trnF*, AND *matK* NUCLEAR AND CHLOROPLAST DNA ANALYSIS," *Annals of the Missouri Botanical Garden* 93(1), 150-171.
- Swets, J. (1998). Measuring the accuracy of diagnostic systems. *Science*, 240 (1988), pp. 1285-1293
- Taberlet, P.; Gielly, L.; Pautou, G. & Bouvet (1991). Universal primers for amplification of three non-coding regions of chloroplast DNA. *Plant molecular biology* 17, 1105-1109
- Tajima F. (1983). Evolutionary relationship of DNA sequences in finite populations. *Genetics*; 105(2):437-60.
- Velásquez, L.; Montoya, D.; Jiménez, A.; Murillo, W. & Méndez, J. (2019). Género *Erythrina*: Actualidad en la investigación y perspectivas de desarrollo científico (1era ed.). Ibagué: Sello Editorial Universidad del Tolima.
- Veldman, S.; Jua, Y.; Otienob, J.; Abihudib, S.; Posthouwerd, C.; Gravendeeld, B.; van Andeld, T. & de Boer, H. (2020). DNA barcoding augments conventional methods for identification of medicinal plant species traded at Tanzanian markets. *Journal of Ethnopharmacology*, 250:112495.
- Villanueva, J. (2018). Análisis de la diversidad genética de *Hemileia vastatrix* de quillabamba mediante secuenciación de las regiones ITS del ADN ribosomal. (Tesis para optar por el título profesional de Biólogo). Universidad Nacional Agraria la Molina.
- Wickham, H. (2016). *ggplot2: Elegant Graphics for Data Analysis*. Springer-Verlag New York. <https://ggplot2.tidyverse.org>
- Wright, S. (1951) The genetical structure of populations. *Annals of Eugenics* 15:323-

354.

Yang, X.;Kushwaha, S.; Saran S.; Xu, J. & Roy P.(2012). Maxent modeling for predicting the potential distribution of medicinal plant, *Justicia adhatoda* L. in

Lesser Himalayan foothills. *Ecological Engineering*, 51, pp. 83-87

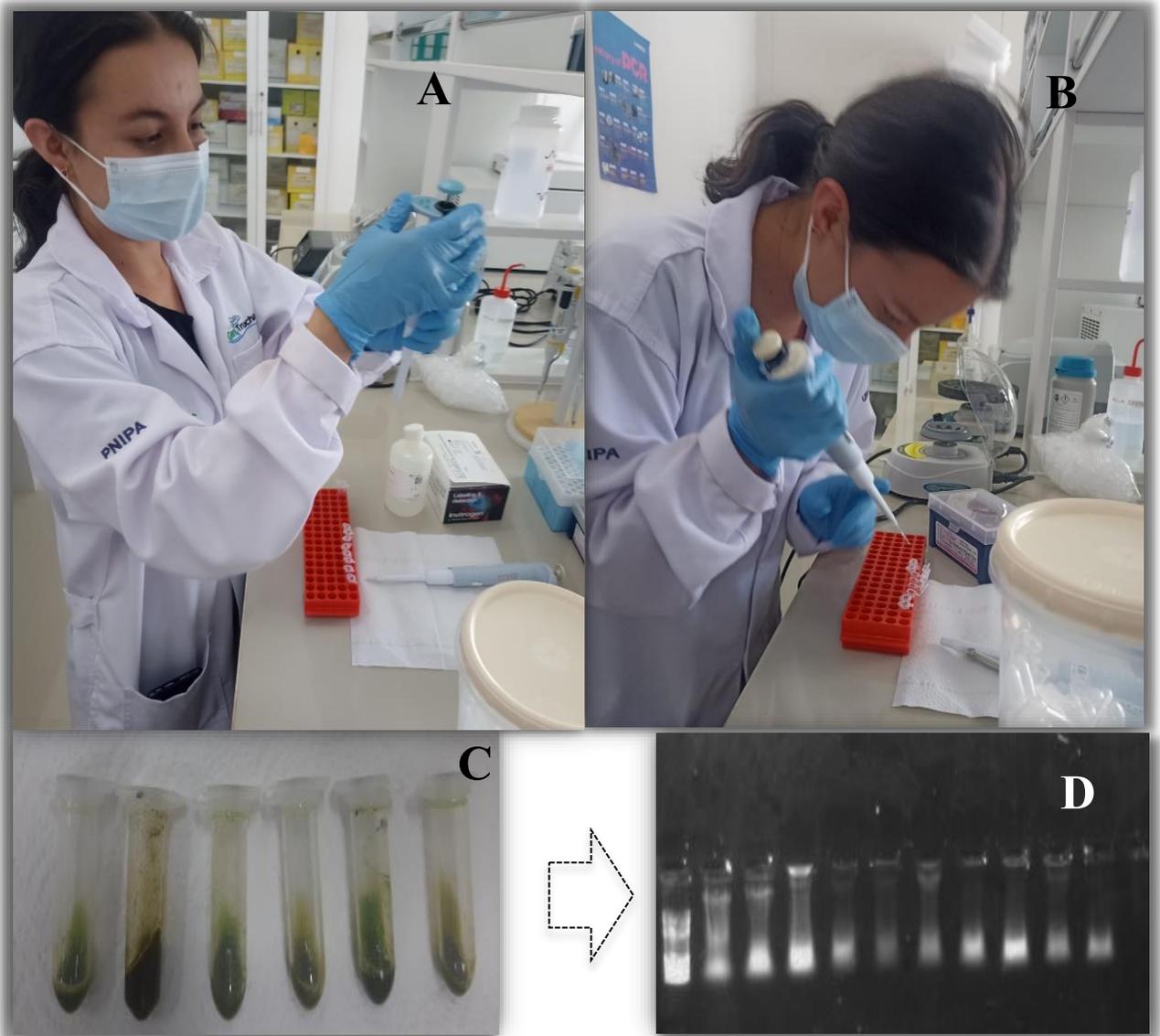
Zhan, H. X., Hao, Z. P., Tang, R., Zhu, L. N., Zhou, J. J., & Hou, S. M. (2021). High genetic diversity and strong genetic structure of *Strongyloides variegatus* populations in oilseed rape production areas of China. *BMC Ecology and Evolution*, 21(1), 18.

VIII. ANEXOS

Anexo 1. Información colecta de los ejemplares utilizados en este estudio.

N°	código de muestra	Punto de colecta	Marcador molecular de secuenciación	
1	IE01	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
2	IE02	Luya		<i>matK</i>
3	IE03	Chachapoyas		
4	IE04	Chachapoyas		
5	IE05	Chachapoyas		
6	IE06	Chachapoyas		
7	IE07	Chachapoyas		
8	IE08	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
9	IE09	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
10	IE10	Chachapoyas		
11	IE11	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
12	IE12	Chachapoyas		
13	IE13	Chachapoyas		
14	IE14	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
15	IE15	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
16	IE16	Luya		
17	IE17	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
18	IE18	Bagua	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
19	IE19	Bagua	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
20	IE20	Bagua		
21	IE21	Utcubamba	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
22	IE22	Utcubamba	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
23	IE23	Utcubamba	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
24	IE24	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
25	IE25	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
26	IE26	Luya		
27	IE27	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
28	IE28	Utcubamba	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
29	IE29	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
30	IE30	Luya		
31	IE31	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
32	IE32	Luya		
33	IE33	Luya		
34	IE34	Bongara	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
35	IE35	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
36	IE36	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
37	IE37	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
38	IE38	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
39	IE39	Chachapoyas		
40	IE40	Chachapoyas		

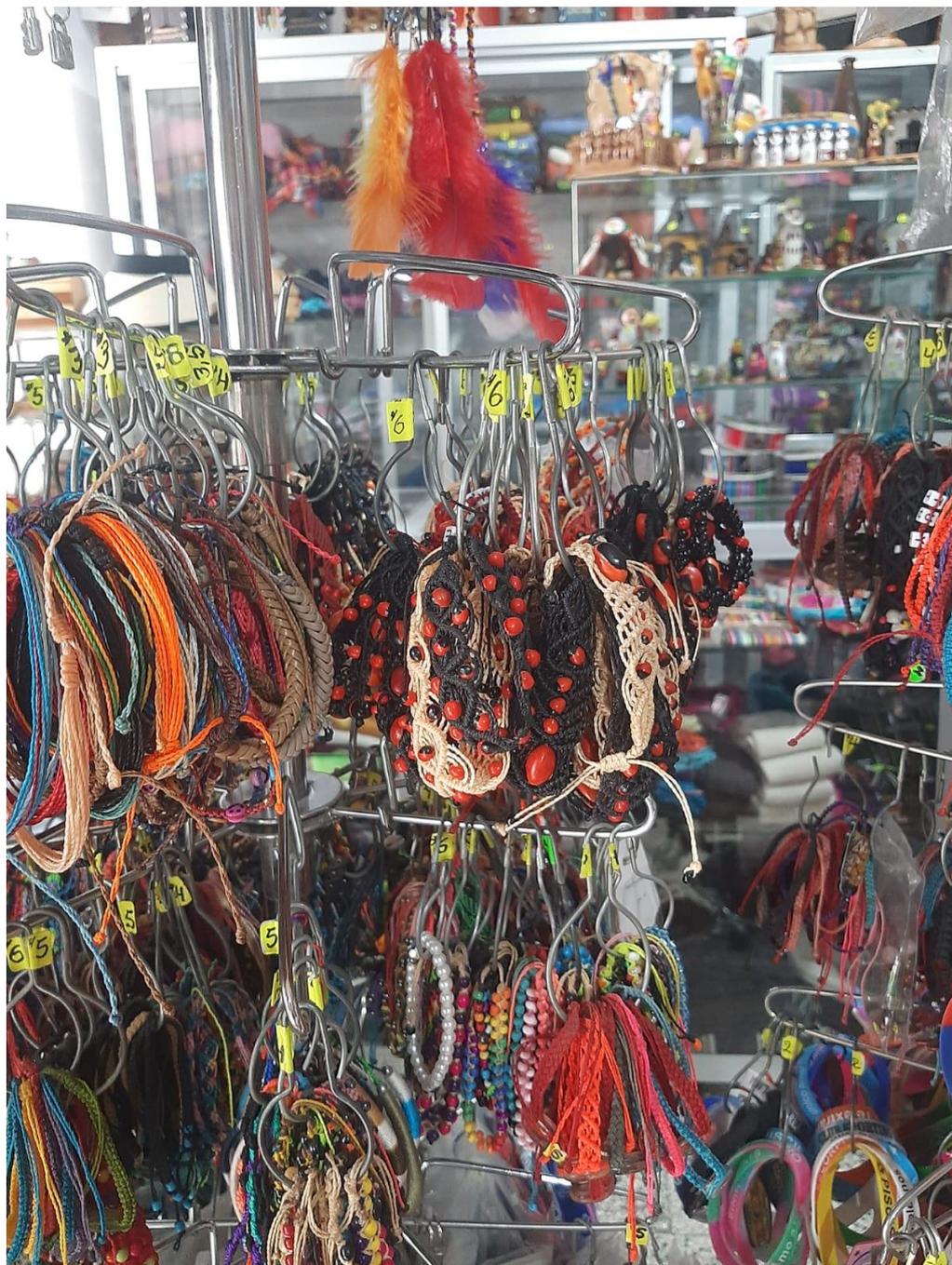
41	IE41	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
42	IE42	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
43	IE43	Chachapoyas		
44	IE44	Bongará	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
45	IE45	Bongará		
46	IE46	Bongará	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
47	IE47	Bongará	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
48	IE48	Bongará	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
49	IE49	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
50	IE50	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
51	IE51	Luya		
52	IE52	Luya		
53	IE53	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
54	IE54	Luya		
55	IE55	Luya	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
56	IE56	Rodríguez de Mendoza	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
57	IE57	Rodríguez de Mendoza	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
58	IE58	Rodríguez de Mendoza	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
59	IE59	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
60	IE60	Chachapoyas	<i>trnL- trnF</i>	<i>matK</i>
61	IE61	Rodríguez de Mendoza		
62	IE62	Rodríguez de Mendoza		
63	IE63	Rodríguez de Mendoza		
64	IE64	Rodríguez de Mendoza		
65	IE65	Rodríguez de Mendoza		
66	IE66	Rodríguez de Mendoza		
67	IE67	Rodríguez de Mendoza		
68	IE68	Rodríguez de Mendoza		
69	IE69	Rodríguez de Mendoza		
70	IE70	Chachapoyas		
71	IE71	Chachapoyas		
72	IE72	Chachapoyas		
73	IE73	Chachapoyas		
74	IE74	Chachapoyas		
75	IE75	Chachapoyas		
76	IE76	Chachapoyas		
77	IE77	Chachapoyas		
78	IE78	Chachapoyas		
79	IE79	Chachapoyas		
80	IE80	Chachapoyas		
81	IE81	Chachapoyas		
82	IE82	Chachapoyas		
83	IE83	Chachapoyas		
84	IE84	Chachapoyas		



Anexo 2. Fotos de actividades de laboratorio (A y B), muestras utilizadas en la extracción de ADN (C) y una imagen obtenida de electroforesis donde se puede observar la presencia de ADN (D).



Anexo 3. *Comercialización en crudo de Pajuros en el mercado de la ciudad de Chachapoyas, Amazonas, Perú.*



Anexo 4. Comercialización del género Erythrina como artesanías.



Anexo 5. Comercialización de Erythrina spp. ya cocida en el mercado modelo de la Chachapoyas, traído desde la provincia de Luya, debido a que se está perdiendo el género en la región.



Anexo 6. Imágenes de Erythrina spp. recolectadas en Amazonas, la imagen superior muestra colectada en Chachapoyas y la imagen inferior muestra colectada en Bongará.



Anexo 7. Características morfológicas de muestras colectadas del género Erythrina en Amazonas.