

ESTRUCTURA GENÉTICA DEL “ROBLE BELLOTO” *QUERCUS SKINNERI* (FAGACEAE) EN EL SALVADOR

DOI: <https://doi.org/10.22458/urj.v17i1.5762>

AUTORES

Roberto Antonio Navarro Linares^{1, 2}, Ligia Elena Muñoz Molina^{1, 2} & Miguel Ángel Moreno Mendoza^{1, 2}

INTRODUCCIÓN

Quercus skinneri Benth. es un roble de zonas templadas de El Salvador, restringido a áreas de alta altitud. La ausencia de estudios genéticos dificulta estrategias de conservación, pese a la relevancia de la diversidad genética para la resiliencia de estos bosques.

OBJETIVO

Determinar la variabilidad y estructura genética de poblaciones de *Quercus skinneri* en tres localidades salvadoreñas.

METODOLOGÍA

Entre julio y diciembre de 2020, recolectamos hojas de diez individuos por localidad (19 individuos en total) para analizar dos regiones de códigos de barras de ADN: ITS2 (nuclear) y trnH-psbA (plastídica). Con las secuencias alineadas calculamos índices de diversidad, estructura poblacional, aislamiento por distancia y filogenia.

AFILIACIÓN

1. Universidad de El Salvador, Escuela de Biología, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Ciudad Universitaria "Dr. Fabio Castillo Figueroa", San Salvador, El Salvador.
2. Universidad de El Salvador, Grupo de Investigación en Bioinformática Estructural, Biomodelos y Biomarcadores, Facultad de Ciencias Naturales y Matemática, Ciudad Universitaria "Dr. Fabio Castillo Figueroa", El Salvador.

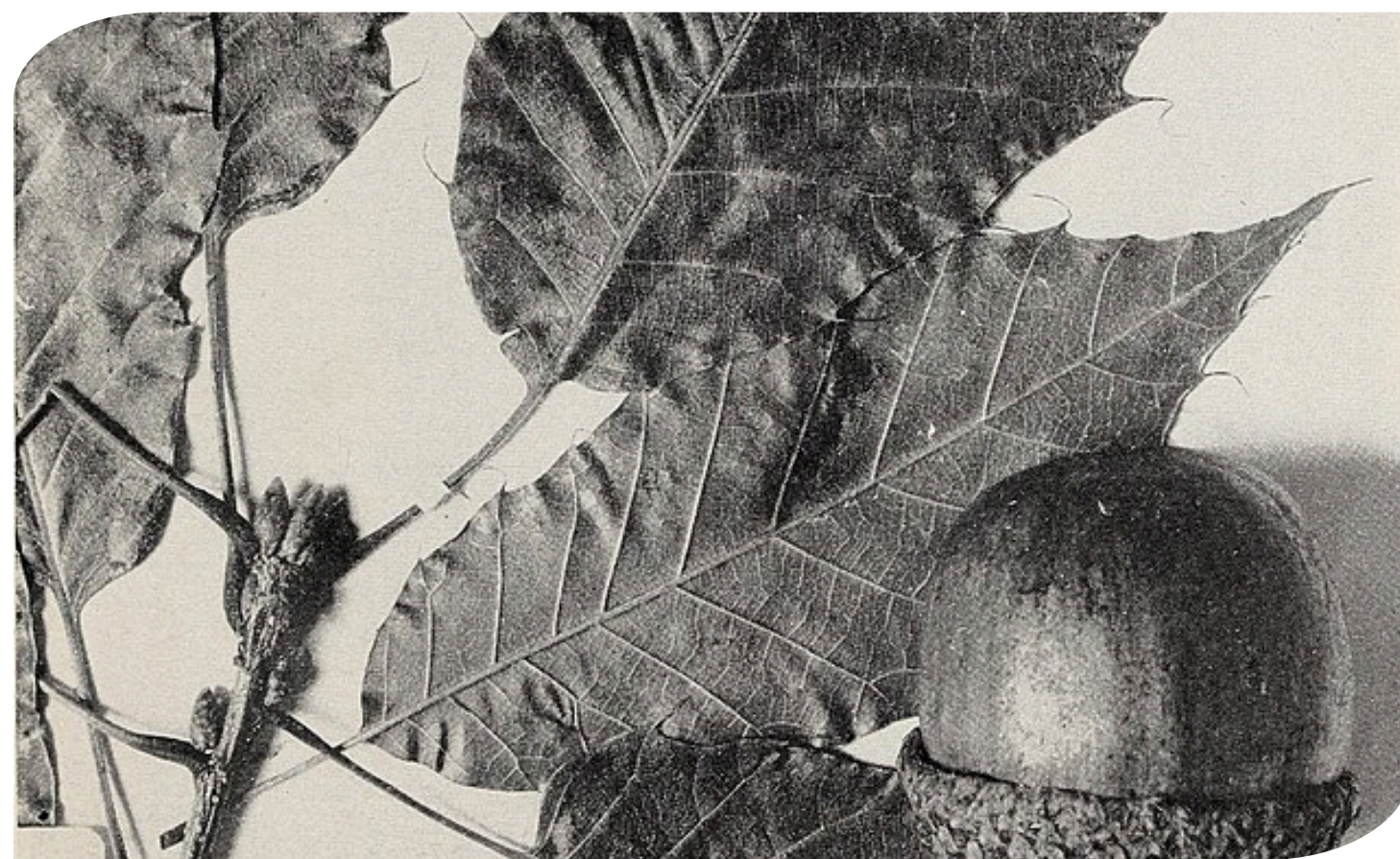
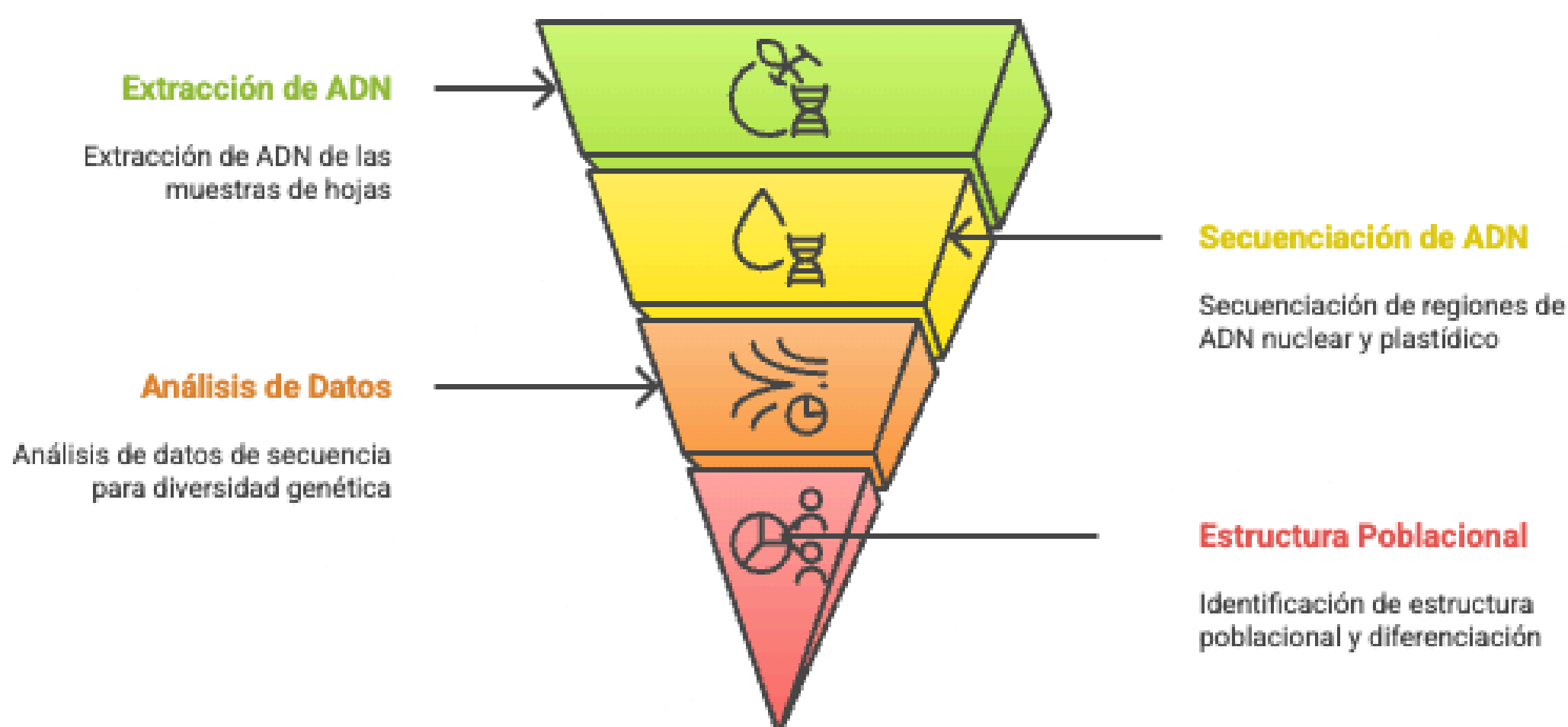


Imagen ilustrativa, [Muller, Cornelius H](#), WikimediaCommons

ANÁLISIS DE LA ESTRUCTURA GENÉTICA DE *QUERCUS SKINNERI*



RESULTADOS

La diversidad genética fue mayor en ITS2 ($\pi = 0,01576$; $Hd = 0,90643$; $h = 10$) que en trnH-psbA ($\pi = 0,00519$; $Hd = 0,48538$; $h = 3$). Ambas regiones evidenciaron estructura poblacional, con la población del Volcán de San Vicente claramente diferenciada ($F_{ST} = 0,79972-1$), corroborada por los mapas de haplotipos y los árboles filogenéticos.

CONCLUSIÓN

ITS2 y trnH-psbA difieren en su capacidad para detectar variabilidad genética, pero ambas revelan estructura poblacional. La marcada diferenciación del Volcán de San Vicente sugiere la presencia de linajes genéticos distintos, clave para futuras acciones de conservación.