BIOTA COLOMBIANA
ISSN impreso 0124-5376
ISSN digital 2539-200X
DOI 10.21068/c001

Artículo

Efecto de la tala selectiva en la diversidad y estructura genética del tangare (*Carapa guianensis*) en el Pacífico colombiano: implicaciones para la producción forestal

Effect of selective logging on the diversity and genetic structure of Tangare (*Carapa guianensis*) in the Colombian Pacific: implications for forest production

Kelly T. Bocanegra-González [ab], **Gloria Daniela González-Zúñiga** [a]
Juan Pablo Cuevas-González [a], **Yani Aranguren-Díaz** [c], **Fernando Fernández-Méndez** [a]

a Grupo de Investigación en Biodiversidad y Dinámica de Ecosistemas Tropicales, Universidad del Tolima, Colombia
b Royal Botanic Garden Edinburgh, Reino Unido
c Centro de Investigación en Innovación en Biodiversidad y Cambio Climático, Universidad Simón Bolívar, Colombia

Recibido: diciembre 8, 2025
Aceptado: febrero 25, 2026
Publicado en línea: noviembre 5, 2026
https://doi.org/10.21068/2539200X.1364

CC BY NC ND

Resumen

El tangare (*Carapa guianensis* Aubl.) es una especie maderable ampliamente aprovechada en el Pacífico colombiano. Sin embargo, se desconoce cómo la tala selectiva afecta su diversidad y estructura genética. Evaluamos esta relación en 155 individuos de 11 localidades de Chocó, Valle del Cauca, Cauca y Nariño, mediante nueve marcadores microsatélites y un índice de tala selectiva (ITS) por localidad. Las localidades con intensidad de tala baja a intermedia presentaron mayor heterocigosidad esperada (*He* = 0,76) y número efectivo de alelos (*Ne* = 4,51) que aquellas con alta intensidad (*He* = 0,65; *Ne* = 3,36). Morromico y El Choibá presentaron alta endogamia (*F* = 0,73), asociada con estructuras demográficas dominadas por individuos adultos y bajo reclutamiento. El análisis de estructura genética identificó dos grupos principales, correspondientes a localidades del norte y sur del Pacífico. El ITS no mostró una relación lineal con los parámetros genéticos, lo que indica que la diversidad genética observada no puede atribuirse exclusivamente a la intensidad de tala y podría estar asociada con factores ecológicos y demográficos. Estos resultados resaltan la importancia de integrar información genética y demográfica en el manejo y conservación de *C. guianensis*.

Palabras clave: endogamia, diferenciación genética, flujo génico, reclutamiento, fragmentación del hábitat, conectividad del paisaje.

Abstract

Tangare (*Carapa guianensis* Aubl.) is a widely harvested timber species in the Colombian Pacific region; however, the effects of selective logging on its genetic diversity and structure remains poorly understood. We evaluated this relationship in 155 individuals from 11 localities in the departments of Chocó, Valle del Cauca, Cauca, and Nariño using nine microsatellite markers and a selective logging index (SLI) for each locality. Localities with low to intermediate logging intensity showed higher expected heterozygosity (*He* = 0.76) and effective number of alleles (*Ne* = 4.51) than those with high logging intensity (*He* = 0.65; *Ne* = 3.36). Morromico and El Choibá showed high inbreeding (*F* = 0.73), associated with demographic structures dominated by adult individuals and low recruitment. Genetic structure analysis identified two main genetic groups corresponding to northern and southern localities of the Pacific region, with mixed composition in intermediate localities. The SLI showed no linear relationship with genetic parameters, indicating that the observed genetic diversity cannot be attributed exclusively to logging intensity and may be associated with ecological and demographic factors. These results highlight the importance of integrating genetic and demographic information into the management and conservation of *C. guianensis*.

Keywords: inbreeding, genetic differentiation, gene flow, recruitment, habitat fragmentation, landscape connectivity.

Introducción

El Pacífico colombiano abarca gran parte de la región del Chocó y es uno de los territorios más biodiversos y menos explorados del planeta (Bocanegra-González et al., 2024; Meyer et al., 2019; Mittermeier et al., 2011). Además, es una de las principales regiones de abastecimiento de madera de Colombia y concentra más del 70 % de la extracción ilícita y el 55% del consumo total de madera en el país (Armenteras et al., 2018; Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible, 2015; Martínez-Guardia et al., 2015). Esta intensa actividad extractiva ha situado a 30 especies maderables entre las más demandadas y movilizadas del mercado nacional, entre las cuales el tangare, *Carapa guianensis* Aubl. (Meliaceae), ocupa el octavo lugar (Armenteras et al., 2018; Blanco, 2020; Rangel-Ch, 2004; Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza [UICN], 2017).

Carapa guianensis es una especie arbórea cuya distribución se extiende desde Belice hasta la Amazonia (Araujo-Lima et al., 2018; Tysklind, 2019). En Colombia, se encuentra en bosques húmedos desde el nivel del mar hasta aproximadamente 1400 m de elevación (International Tropical Timber Organization, 2024), donde se han registrado densidades cercanas a 18 individuos por hectárea (Centeno et al., 2024). Aunque la especie está clasificada como Preocupación Menor (LC) (UICN, 2017), los registros de transporte de madera entre 2018 y 2019 alcanzaron 22 768,25 m³ (Armenteras et al., 2018; Blanco, 2020; Rangel-Ch., 2004), lo que evidencia una elevada demanda comercial. Esta presión ha motivado su inclusión en listas de veda en regiones como Urabá (Resolución 076395B del 4 de agosto de 1995, Corporación para el Desarrollo Sostenible del Urabá, 1995) y su incorporación en plantaciones experimentales de enriquecimiento en Tumaco, Nariño (Centeno et al., 2024).

A pesar de su importancia ecológica y económica, existe un conocimiento limitado sobre la diversidad, estructura genética y aspectos demográficos de las poblaciones de *C. guianensis* a escala regional y nacional. Esta limitación dificulta evaluar los posibles efectos del aprovechamiento maderable y establecer estrategias de manejo y conservación sustentadas en evidencia genética.

Estudios de genética poblacional realizados en la Amazonía brasileña y el norte de Costa Rica sugieren que la tala selectiva ha tenido efectos limitados sobre la estructura genética de la especie (Cloutier et al., 2007; Dayanandán et al., 1999). Sin embargo, la intensidad de la presión extractiva en el Pacífico colombiano, sumada a otras amenazas, plantea la necesidad de evaluar este

patrón en las poblaciones de la región. Entre estas amenazas se encuentran la pérdida de cobertura boscosa asociada principalmente con la expansión de asentamientos humanos, las actividades mineras y los cultivos de coca (Albarán-Castro et al., 2020; Armenteras et al., 2018; Meyer et al., 2019).

En este contexto, se plantea que la sobreexplotación y la fragmentación del hábitat pueden generar cambios en la diversidad y estructura genética de las poblaciones de *C. guianensis*, con posibles consecuencias para su capacidad adaptativa frente a escenarios de cambio climático (Dawson et al., 2011; Lowe et al., 2005; Reina, 2023). La pérdida y fragmentación del hábitat pueden reducir el tamaño efectivo de las poblaciones y restringir la disponibilidad y el intercambio de variantes genéticas, lo que favorece la disminución de la diversidad genética y del potencial evolutivo (Aguilar et al., 2008; Lowe et al., 2005). Asimismo, en poblaciones pequeñas, la deriva genética puede adquirir mayor importancia, mientras que la reducción del flujo genético puede favorecer la diferenciación entre poblaciones y aumentar la probabilidad de fijación de alelos deletéreos. Estos procesos pueden incrementar el riesgo de declive poblacional y de extinción local (González-Jiménez et al., 2021; Young et al., 1996).

La producción forestal asociada con *C. guianensis* constituye, por tanto, un sistema en el que interactúan factores ecológicos, sociales y económicos que condicionan la sostenibilidad del aprovechamiento maderable (Lozano & González, 2011). La tala selectiva, en particular, representa una presión antrópica potencialmente relevante para la dinámica de las poblaciones naturales, mientras que la genética poblacional proporciona herramientas para evaluar cambios en la diversidad y estructura genética asociados con dicha presión. La integración de ambas dimensiones puede contribuir a fundamentar estrategias de manejo y conservación de *C. guianensis*, orientadas a compatibilizar el aprovechamiento de la especie con el mantenimiento de sus poblaciones naturales y la biodiversidad asociada. Este enfoque es consistente con los objetivos de conservación y uso sostenible de la biodiversidad planteados en los Objetivos de Desarrollo Sostenible y en la Política Nacional para la Gestión Integral de la Biodiversidad y sus Servicios Ecosistémicos (Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible, 2012; Naciones Unidas, 2018).

El presente estudio evalúa la diversidad y estructura genética de *C. guianensis* en relación con la intensidad de la tala selectiva en el Pacífico colombiano. En particular, se busca determinar si la diversidad de las poblaciones varía en función de la intensidad del aprovechamiento maderable y evaluar si las poblaciones ubicadas en unidades de conservación presentan mayores niveles de diversidad genética y patrones diferenciados de estructura poblacional. Con ello, se pretende aportar elementos para comprender la relación entre el aprovechamiento forestal y la diversidad genética de *C. guianensis*, como base para su manejo y conservación en la región.

Materiales y métodos

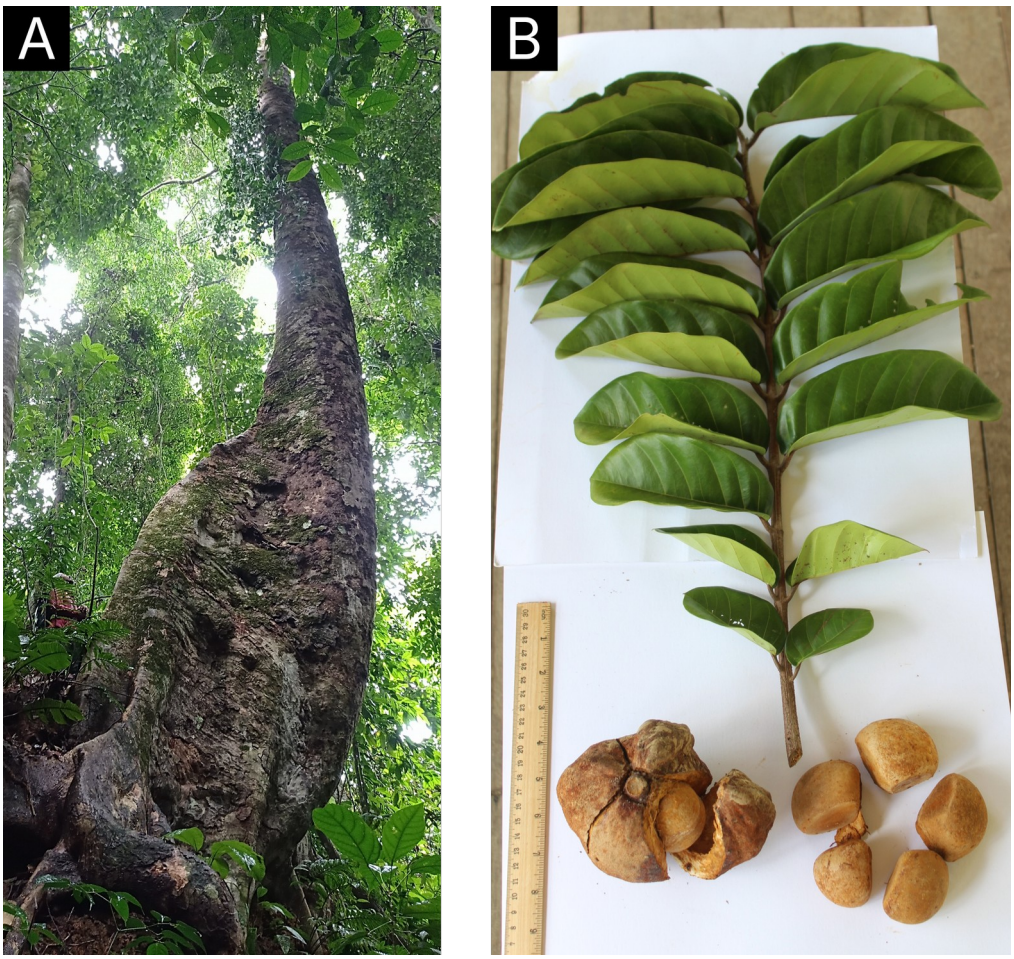
Especie de estudio

Carapa guianensis es una especie monoica que alcanza los 48 m de altura y 159 cm de diámetro (*obs. pers.*) (Cloutier et al., 2007) (Figura 1). Presenta un tronco recto y cilíndrico, y hojas compuestas, alternas, paripinnadas, dispuestas en espiral y agrupadas en los extremos de las ramas (Costa-Silva et al., 2007). Sus flores son pequeñas y blancas, polinizadas principalmente por abejas (Apidae: Meliponini), así como por mariposas (Riodinidae y Lycaenidae) y escarabajos (Cloutier et al., 2007; Santos et al., 2006). En el Pacifico colombiano, la especie florece entre enero y julio, y presenta dos periodos de fructificación, entre octubre y diciembre y entre mayo y julio (*obs. pers.*) (Ardila-Fernández et al., 2022). Sus frutos son cápsulas leñosas de cuatro valvas que contienen semillas de 4–5 cm de longitud. Estas son dispersadas principalmente por el agua y la gravedad y, secundariamente, por roedores medianos como el pecarí de collar (*Pecari tajacu*) y el guatín (*Dasyprocta punctata*), que pueden movilizarlas a distancias aproximadas de 25 m (Guariguata et al., 2002; McHargue & Hartshorn, 1983).

La especie presenta alta importancia ecológica, económica y cultural. Su madera es reconocida por su calidad, durabilidad y resistencia (Bacca-Acosta et al.,

2021; Scotti-Saintagne et al., 2013), y se utiliza para la elaboración de tablones y bloques (Blanco, 2020; Cabezas, 2023). Asimismo, el aceite extraído de sus semillas es rico en ácidos grasos y tiene diversos usos tradicionales en la Amazonia, donde se emplea como repelente de insectos, en tratamientos medicinales, en la elaboración de jabón y como combustible para lámparas (Centeno et al., 2024; Miot et al., 2004). La corteza también se utiliza en la preparación de infusiones medicinales (Shanley et al., 2011).

Figura 1. *Carapa guianensis*. **A)** Individuo adulto registrado en la localidad de Morromico, en las inmediaciones del Parque Nacional Natural Utría. **B)** Muestra botánica recolectada en la localidad de Bajo Calima, que muestra una hoja compuesta, paripinnada, con el pulvínulo basal quebrado, así como frutos globosos y semillas de contorno angular.



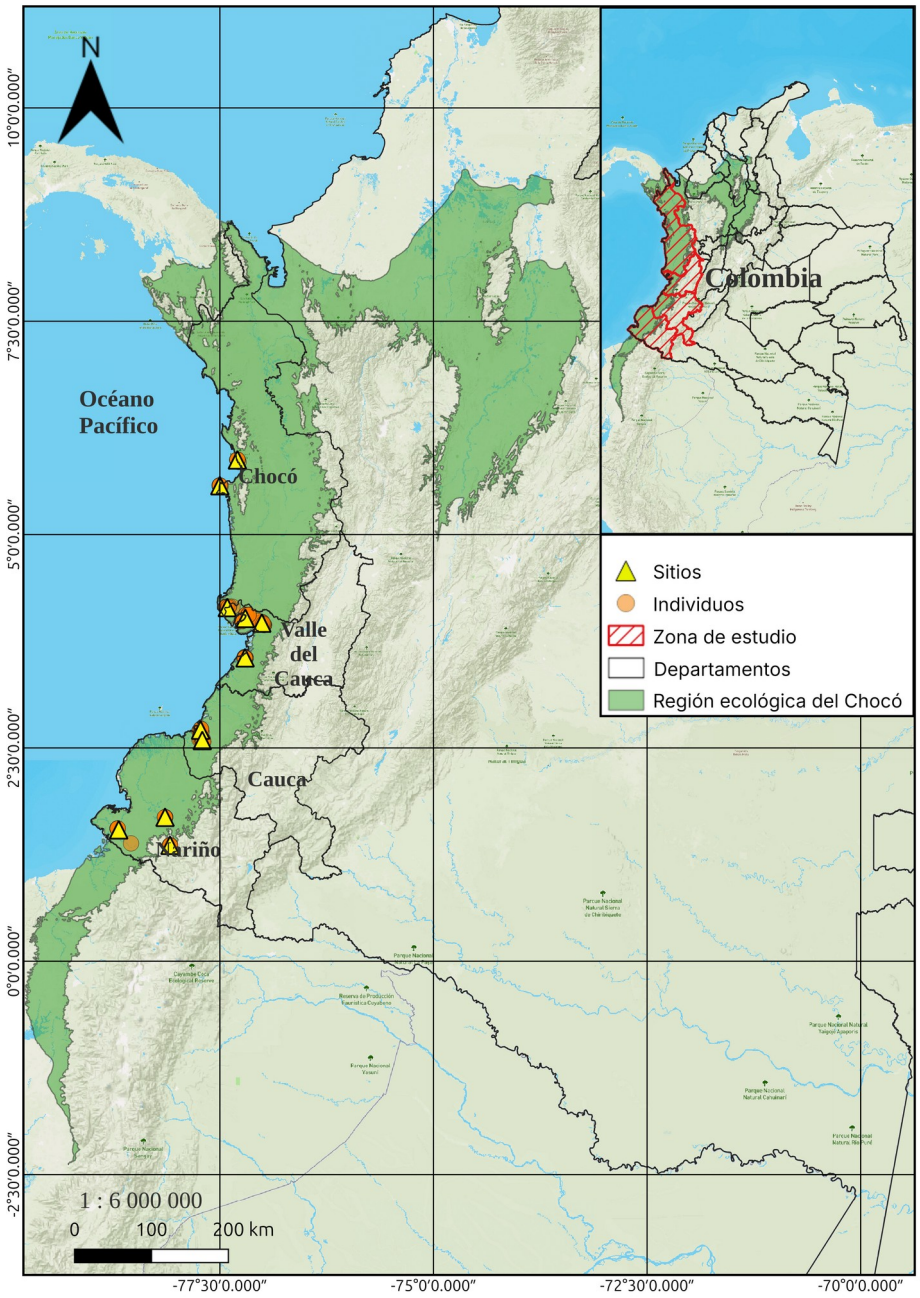
Área de estudio y muestreo

Se estudiaron once poblaciones geográficas de *C. guianensis* distribuidas en los departamentos de Chocó, Valle del Cauca, Cauca y Nariño. Algunas poblaciones se localizaron dentro o en las inmediaciones de unidades de conservación: en Chocó, en un sitio contiguo al Parque Nacional Natural (PNN) Utría; en el Valle del Cauca, en el Distrito Regional de Manejo Integrado (DRMI) La Plata y en las inmediaciones del PNN Uramba Bahía Málaga y el Parque Natural Regional (PNR) La Sierpe; y en Nariño, en la Reserva Natural de la Sociedad Civil (RNSC) de las Aves El Pangán (Figura 2, Anexo 1).

En cada localidad se realizó un muestreo aleatorio a lo largo de senderos ubicados en áreas con presencia de *C. guianensis*. Siguiendo el protocolo de muestreo genético descrito por González y Arenas-Castro (2017), se mantuvo una distancia mínima de 50 m entre individuos para reducir la probabilidad muestrear individuos emparentados. Se recolectaron hojas jóvenes y sanas de entre 4 y 23 individuos por

población, para un total de 155 individuos. La variación en el tamaño de muestra entre localidades obedeció a la disponibilidad de individuos durante el trabajo de campo. Cada árbol fue georreferenciado y se registraron la altura total, la altura comercial, el diámetro a la altura del pecho (DAP) y el diámetro de copa. Adicionalmente, se recolectaron muestras botánicas de cada individuo, las cuales fueron depositadas en el Herbario TOLI de la Universidad del Tolima.

Figura 2. Localización geográfica de las localidades de estudio y de los individuos de *Carapa guianensis* registrados en el Pacífico colombiano.



Análisis genéticos

La extracción de ADN se realizó siguiendo el método de Lodhi et al. (1994), con modificaciones. El buffer de extracción contenía 2 % de CTAB, 1,4 M de NaCl, 0,2 % de 2-mercaptoetanol, 20 mM de EDTA y 100 mM de Tris-HCl (pH 8,0). Inicialmente, las muestras se maceraron con nitrógeno líquido y se transfirieron a tubos de 2 mL que contenían 1 mL del buffer de extracción y 2 mg de PVP. Las muestras se incubaron a 65 °C durante 1 h y se mezclaron por inversión cada 15 minutos. Posteriormente, se realizaron dos extracciones orgánicas con un volumen de cloroformo isoamílico (24:1). El ADN se precipitó con dos tercios del volumen de isopropanol, se lavó con etanol al 70 % y se resuspendió en 60 µL de buffer TE previamente calentado. Finalmente, las muestras se cuantificaron mediante espectrofotometría utilizando un equipo Thermo Scientific™ Multiskan SkyHigh. La integridad del ADN genómico se verificó mediante electroforesis en gel de agarosa al 1 %, utilizando TAE 1X y SYBR Safe.

Se realizaron reacciones en cadena de la polimerasa (PCR) para nueve marcadores microsatélites (Cg4, Cg5, Cg6, Cg7, Cg01, Cg06, Cg11, Cg16 y Cg17) desarrollados para *C. guianensis* por Dayanandán et al. (1999) y Vinson et al. (2005). Para la genotipificación, los alelos se amplificaron utilizando cebadores modificados con una secuencia M13 (CACGACGTTGTAAAACGAC) en el extremo 5' (Aranguren-Díaz et al., 2018; Schuelke, 2000) y cebadores M13 marcados con las fluorescencias 6-FAM, NED y VIC. En los primeros ciclos de PCR se realizó la amplificación específica de cada locus y, posteriormente, los amplicones fueron reamplificados mediante el cebador M13 marcado, con lo cual se obtuvieron productos fluorescentes para la genotipificación de los microsatélites.

Las reacciones de PCR fueron individuales, con un volumen final de 15 µL, y se realizaron en placas de 96 pozos utilizando la mezcla de Promega GoTaq G2 como mezcla maestra a una concentración de 1X, 0,2 µM de cebador directo M13, 0,8 µM de cebador inverso, 0,8 µM de cebador M13 marcado con fluorescencia y 30 ng de ADN. Las condiciones de amplificación consistieron en una desnaturalización inicial a 94 °C durante 4 min, seguida de 35 ciclos de 30 s a 94 °C, 30 s a 53–59 °C y 30 s a 72 °C, con una extensión final de 72 °C durante 5 min. Los productos de PCR se agruparon según el marcador fluorescente y se separaron mediante electroforesis capilar utilizando GeneScan™ 500 LIZ™ Size Standard (Thermo Fisher Scientific).

Evaluación de los parámetros genéticos

La presencia de alelos nulos se evaluó mediante el software Micro-Checker (van Oosterhout et al., 2004). Los loci que presentaron evidencia de alelos nulos fueron excluidos de los análisis posteriores. Para los loci retenidos se evaluó el equilibrio de Hardy-Weinberg (Nei, 1978). Para cada localidad de muestreo se estimaron el número de alelos (*Na*), el número efectivo de alelos (*Ne*), la heterocigosidad observada (*Ho*), la heterocigosidad esperada (*He*), la heterocigosidad esperada no sesgada (*uHe*) y el índice de endogamia (*F*), utilizando GenAlEx 6.5 (Peakall & Smouse, 2012).

La estructura genética de la especie se evaluó mediante análisis de agrupamiento bayesiano implementado en STRUCTURE 2.3.4. (Pritchard et al., 2000). Los análisis se realizaron bajo un modelo de mezcla (*admixture*) y asumiendo frecuencias alélicas correlacionadas entre poblaciones. Para cada análisis se utilizaron 500 000 iteraciones de *burn-in*, seguidas de 1 000 000 de iteraciones para la estimación de los parámetros. Aunque la información correspondiente a las localidades de muestreo se incorporó a la matriz de datos, no se utilizó el parámetro LOCPRIOR; por tanto, las inferencias sobre la estructura genética se basaron exclusivamente en la información genotípica. Se realizaron 10 repeticiones independientes para cada número de grupos genéticos putativos (*K*). El valor máximo evaluado fue $K = 12$, correspondiente al número de localidades muestreadas más uno.

El número de grupos genéticos con mayor soporte se evaluó mediante el estadístico ΔK de Evanno (Evanno et al., 2005), calculado con Structure Harvester en Python. Posteriormente, las ejecuciones independientes obtenidas para cada valor de *K* se consolidaron mediante CLUMPP (Jakobsson & Rosenberg, 2007), utilizando el servidor CLUMPAK (https://clumpak.tau.ac.il/). Finalmente, para evaluar la distribución de la variabilidad genética y su relación con

la estructura y distribución de las poblaciones, se realizó un Análisis de Varianza Molecular (AMOVA) en GenAlEx 6.5. Se empleó un diseño jerárquico de un solo nivel, que permitió particionar la variación genética entre poblaciones y dentro de poblaciones, y se realizaron 999 permutaciones.

Análisis de la tala selectiva

La tala selectiva en los sitios de muestreo se caracterizó mediante un enfoque que combinó observaciones directas en campo con la revisión de información secundaria (Cabezas, 2023). A partir de esta información se construyó un Índice de Tala Selectiva (*ITS*) para caracterizar la intensidad relativa del aprovechamiento en cada localidad. El *ITS* clasificó las localidades en tres categorías de intensidad: baja (< 34 %), media (34–6 6%) y alta (≥ 67 %), a partir de cuatro variables asociadas con aspectos ecológicos, administrativos y de manejo:

Historial maderero (*H*). Se determinó mediante observaciones de campo y se asignaron los siguientes valores: 0 = sin evidencia de tala selectiva; 1 = tala selectiva esporádica; 2 = tala selectiva recurrente.

Permisos de aprovechamiento (*P*). Se determinó a partir de información sobre las autorizaciones de aprovechamiento emitidas por las Corporaciones Autónomas Regionales (Cabezas, 2023). Se asignaron los siguientes valores: 0 = aprovechamiento regional bajo o medio (volumen autorizado por la CAR < 6340,4 m^3/año) y sin registro municipal; 1 = aprovechamiento regional bajo o medio (volumen autorizado por la CAR < 6340,4 m^3/año) con registro municipal, o aprovechamiento regional alto (volumen autorizado por la CAR ≥ 6340,4 m^3/año) sin registro municipal; 2 = aprovechamiento regional alto (volumen autorizado por la CAR ≥ 6340,4 m^3/año) y con registro municipal.

Régimen de manejo (*M*). Se estableció de acuerdo con la ubicación de cada localidad respecto a las figuras de conservación consideradas: 0 = dentro de Parques Nacionales Naturales, Distritos Regionales o Nacionales de Manejo Integrado, o Reservas Naturales de la Sociedad Civil; 2 = fuera de figura de conservación.

Estructura diamétrica (*D*). Se consideró el diámetro mínimo de corta establecido para la región (40 cm de DAP) y la proporción de individuos que alcanzaron o superaron dicho diámetro. Los valores se asignaron de la siguiente manera: 0 = < 20 % de los individuos ≥ 40 cm; 1 = 20–49 % de los individuos ≥ 40 cm; 2 = ≥ 50 % de los individuos ≥ 40 cm. El diámetro mínimo de corta de 40 cm se relaciona con el crecimiento diamétrico relativamente rápido registrado para la especie en comparación con otras regiones y condiciones naturales (Bacca-Acosta et al., 2021).

Las cuatro variables originales presentan valores entre 0 y 2. Para estandarizar su contribución al índice, cada variable $X \in \{H, P, M, D\}$ fue normalizada a un rango entre 0 y 1 mediante la expresión $X' = X/2$. Posteriormente, el *ITS* se calculó como una suma ponderada de las variables normalizadas (Ecuación 1).

$$ITS = 0{,}40\,H' + 0{,}15\,P' + 0{,}30\,M' + 0{,}15\,D'$$

(Ecuación 1)

La asignación de pesos se realizó de acuerdo con la relevancia conceptual de cada variable para representar la intensidad de la tala selectiva. El historial maderero (*H*) y el régimen de manejo (*M*) recibieron las mayores ponderaciones (0,40 y 0,30, respectivamente), debido a que representan la presión histórica de aprovechamiento y las condiciones de manejo del territorio. Los permisos de aprovechamiento (*P*) y la estructura diamétrica (*D*) recibieron una ponderación de 0,15 cada uno, al considerarse variables complementarias relacionadas con el marco administrativo del aprovechamiento y con la disponibilidad de individuos potencialmente aprovechables.

Efectos de la tala selectiva sobre los parámetros genéticos

Para evaluar la relación entre la tala selectiva y los parámetros genéticos de *C. guianensis*, se realizaron análisis de correlación entre estos parámetros y el Índice de Tala Selectiva (*ITS*) calculado para cada localidad. Se construyó una matriz de correlación de Pearson que incluyó todas las variables cuantitativas del conjunto de datos: número de individuos muestreados (*N*), número de alelos por locus (*Na*), número efectivo de alelos (*Ne*), heterocigosidad observada (*Ho*),

heterocigosidad esperada (*He*), heterocigosidad esperada no sesgada (*uHe*), índice de endogamia (*F*), diámetro a la altura del pecho (*DAP*), altura total (*AT*) e *ITS*. Los coeficientes de correlación se expresaron con tres decimales y se consideraron de interés las correlaciones con una magnitud de $|r| > 0{,}5$.

Adicionalmente se implementaron Modelos Lineales Generalizados (GLM) con distribución gaussiana para evaluar la relación entre la intensidad de la tala selectiva y los parámetros genéticos. En estos modelos, el *ITS* se incorporó como variable explicativa y cada uno de los parámetros genéticos (*Na*, *Ne*, *Ho*, *He*, *uHe* y *F*) como variable respuesta (Ecuación 2). Posteriormente, se realizó un análisis exploratorio de la distribución de estos parámetros genéticos en función de las categorías de intensidad de tala selectiva.

$$Y = \beta 0 + \beta 1(ITS) + \varepsilon$$

(Ecuación 2)

Finalmente, se realizó un Análisis de Componentes Principales (PCA) con el objetivo de reducir la dimensionalidad del conjunto de parámetros genéticos y variables dasométricas e identificar patrones de variación multivariada entre las localidades estudiadas. El análisis se realizó en Python 3.11 e incluyó los parámetros genéticos y la altura total (*AT*), excluyendo el *ITS* para evitar circularidad en la interpretación, dado que esta variable incorpora parcialmente información relacionada con la clasificación de la intensidad de tala. Antes del PCA, todas las variables fueron estandarizadas mediante transformación *Z* (media = 0; desviación estándar = 1) para eliminar las diferencias de escala entre los parámetros.

Resultados

Diversidad y estructura genética

Se analizaron nueve marcadores microsatélites, de los cuales tres presentaron evidencia de alelos nulos y fueron excluidos de los análisis posteriores. En consecuencia, los análisis se realizaron con seis loci. En la mayoría de las localidades se observó un déficit de heterocigotos (*Ho* < *He*), consistente con desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg. La diferenciación genética entre localidades fue significativa (F_{ST} = 0,134; *p* = 0,001), lo que indica que aproximadamente el 13 % de la variación genética se atribuyó a diferencias entre poblaciones (Tabla 1, Figura 3).

El número efectivo promedio de alelos (*Ne*) fue de 3,90. Los valores más altos se registraron en Timbiquí (*Ne* = 4,70), Guapi (*Ne* = 4,69) y Bajo San Juan (*Ne* = 4,53), mientras que los más bajos correspondieron a Barbacoas (*Ne* = 2,56), El Pangán (*Ne* = 3,05) y Bajo Calima (*Ne* = 3,61). En cuanto a la heterocigosidad esperada (*He*), los valores más bajos se observaron en Barbacoas (*He* = 0,59), Bajo Calima (*He* = 0,68) y Cajambre (*He* = 0,68) mientras que Guapi (*He* = 0,78), Timbiquí (*He* = 0,77), Bajo San Juan (*He* = 0,77) y Tumaco (*He* = 0,74) presentaron los valores más altos. En términos generales, las localidades con mayores valores de *Ne* también presentaron valores elevados de *He*. Sin embargo, esta correspondencia no implica necesariamente una relación causal entre ambas variables, aunque es consistente con el hecho de que un mayor tamaño efectivo poblacional favorece el mantenimiento de la diversidad genética.

El Pangán presentó una baja riqueza alélica efectiva (*Ne* = 3,05) y un valor intermedio de *He (He = 0,67*), a pesar de encontrarse dentro de un área de conservación. Este resultado posiblemente esté asociado al reducido número de individuos registrados (*n* = 4). Por su parte, Morromico y El Choibá presentaron los valores más altos del índice de fijación (*F* = 0,73 en ambas localidades), acompañados de valores medios de *He* (0,71 y 0,75, respectivamente). Con ello, se presume que, aunque ambas poblaciones conservan cierto potencial de diversidad genética, la endogamia podría estar limitando su expresión.

El análisis de estructura genética mostró que el valor de ΔK alcanzó su máximo en *K* = 2, lo que respalda la existencia de dos grupos genéticos principales entre las poblaciones evaluadas (Figura 4, Anexo 2). Aunque el criterio de Evanno identificó *K* = 2 como el valor con mayor soporte, el patrón obtenido para *K* = 3 sugiere una posible subdivisión adicional dentro de uno de los grupos. Sin embargo, esta interpretación presenta menor respaldo según el criterio utilizado.

Las poblaciones del norte, Morromico y El Choibá, mostraron una composición genética predominantemente asociada con uno de los dos grupos. De manera similar, las poblaciones del sur, Timbiquí, Guapi, Barbacoas, Tumaco y El Pangán presentaron una composición genética predominantemente homogénea asociada con el segundo grupo. En contraste, las poblaciones de la zona central, Bajo San Juan, Bahía Málaga, Bajo Calima y Cajambre, mostraron una mayor proporción de ancestría asignada a ambos grupos, configurando un patrón de composición genética intermedia entre los grupos observados hacia el norte y el sur.

En conjunto, esta estructuración puede atribuirse a gradientes ambientales y a la dinámica de flujo genético entre localidades. Tales procesos constituyen posibles explicaciones que deberán contrastarse mediante análisis específicos.

Tabla 1. Parámetros genéticos y características dasométricas de *Carapa guianensis* en las 11 localidades de muestreo del Pacífico colombiano.

Zona	Localidad	*N*	*Na*	*Ne**	*Ho*	*He**	*uHe*	*F**	DAP (cm)	AT (m)
Norte	Morromico	14	6,33	3,92	0,18	0,68	0,71	0,73	80	31
Norte	El Choibá	23	6,67	4,03	0,20	0,73	0,75	0,73	28	30
Centro	Bajo San Juan	15	6,67	4,53	0,28	0,77	0,79	0,63	19	13
Centro	Bahía Málaga	15	6,17	3,82	0,23	0,70	0,72	0,66	15	9
Centro	Bajo Calima	16	5,67	3,61	0,31	0,68	0,71	0,51	10	9
Centro	Cajambre	15	5,50	3,91	0,33	0,68	0,70	0,49	28	15
Sur	Timbiquí	15	5,83	4,70	0,42	0,77	0,80	0,45	13	12
Sur	Guapi	18	7,67	4,69	0,25	0,78	0,80	0,68	28	19
Sur	Barbacoas	8	3,17	2,56	0,38	0,59	0,63	0,33	24	11
Sur	Tumaco	12	5,50	4,13	0,25	0,74	0,77	0,67	22	13
Sur	El Pangán	4	3,50	3,05	0,33	0,67	0,77	0,50	16	11

Nota. *N* = tamaño de la muestra; *Na* = número promedio de alelos por locus; *Ne* = número promedio de alelos efectivos por locus; *Ho* = heterocigosidad observada; *He* = heterocigosidad esperada; *uHe* = heterocigosidad esperada no sesgada; *F* = índice de fijación; DAP = diámetro a la altura del pecho promedio por localidad; AT = altura total promedio por localidad. Los parámetros genéticos principales (*Ne*, *He* y *F*) se indican con asterisco en el encabezado.

Figura 3. Distribución espacial de los principales parámetros genéticos de *Carapa guianensis* estimados en 11 localidades de muestreo. **A)** Número promedio de alelos efectivos por locus (*Ne*). **B)** Heterocigosidad esperada (*He*). **C)** Índice de fijación (*F*).

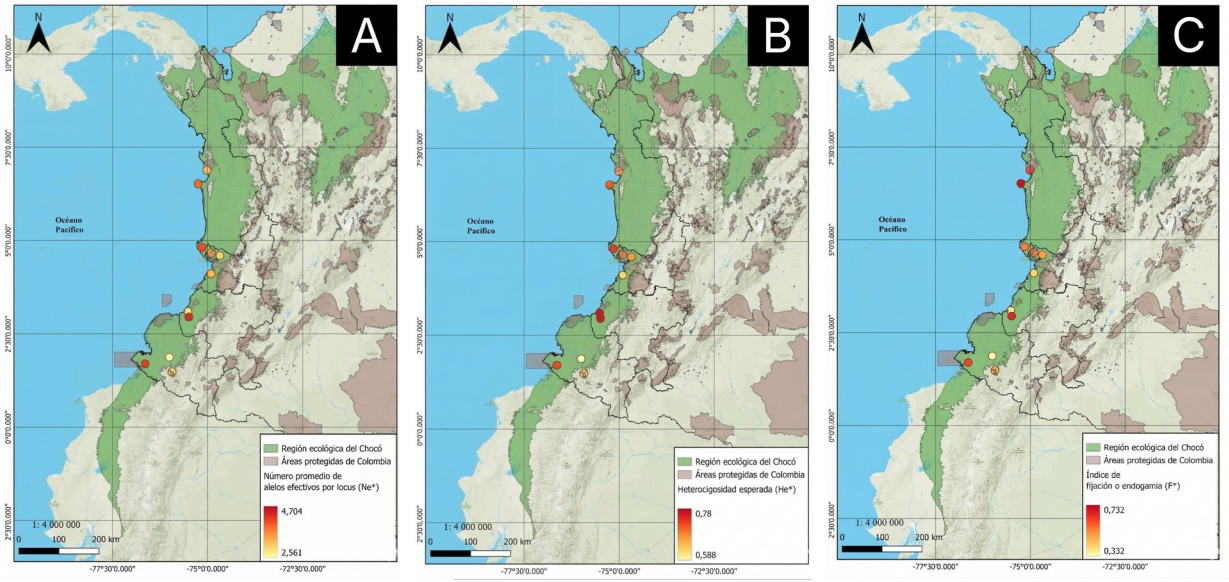
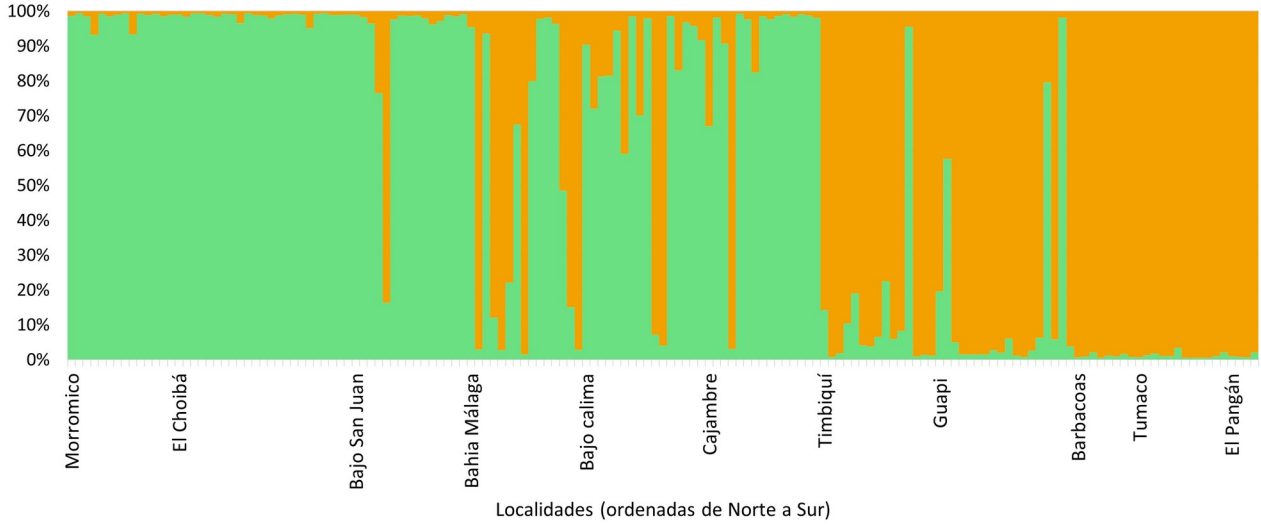


Figura 4. Estructura genética poblacional de *Carapa guianensis* para *K* = 2.



Nota. Cada individuo se representa mediante una línea vertical, cuya proporción de color indica su probabilidad de pertenencia a cada uno de los dos grupos genéticos. Las localidades se presentan en orden geográfico de norte a sur.

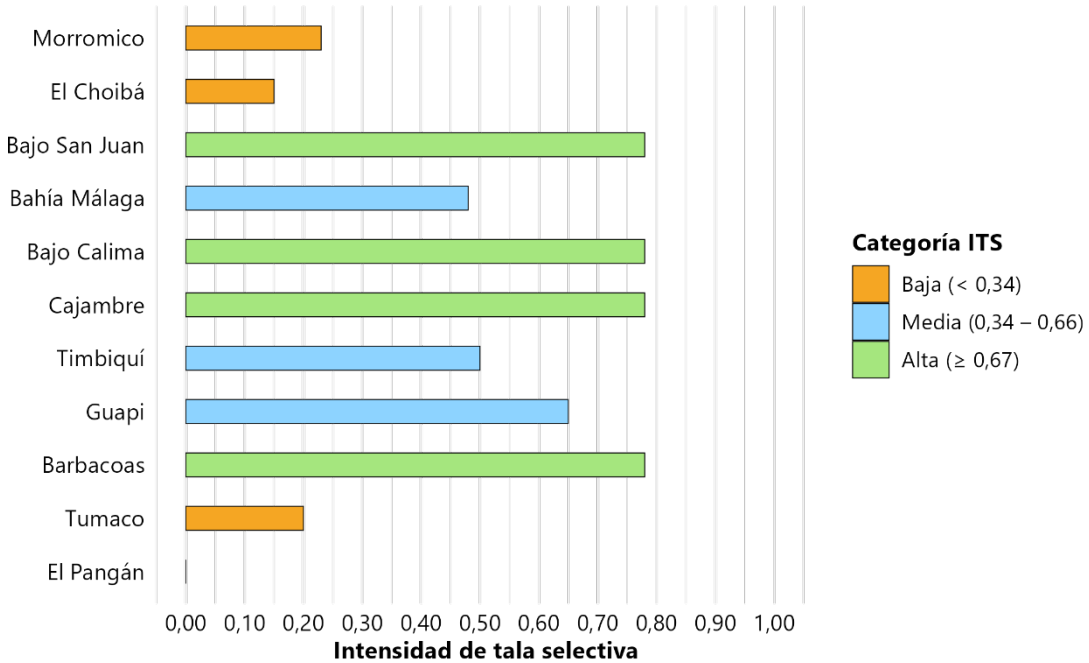
Intensidad de tala selectiva

El Índice de Tala Selectiva (*ITS*) mostró diferencias en la intensidad relativa del aprovechamiento entre las once localidades evaluadas (Figura 5). Las localidades ubicadas dentro de unidades de conservación, como Morromico (*ITS* = 0,23), El Choibá (*ITS* = 0,15), Tumaco (*ITS* = 0,20) y El Pangán (*ITS* = 0,00), presentaron los valores más bajos del índice. Estos valores corresponden a una menor intensidad relativa de tala según los criterios empleados para construir el *ITS*.

En contraste, las localidades de Bahía Málaga, Timbiquí y Guapi presentaron valores intermedios del *ITS*, correspondientes a una intensidad relativamente moderada. Estos valores se relacionaron con las condiciones delos cuales indican una intensidad moderada de extracción; en Bahía Málaga, asociada al manejo y aprovechamiento registradas en cada localidad. Por su parte, regulado de la especie, mientras que, en Timbiquí y Guapi, relacionada con la limitada infraestructura de movilización, la cual restringe el acceso y la extracción de madera. Bajo San Juan, Bajo Calima, Cajambre y Barbacoas presentaron los valores más altos del *ITS* (≥ 0,78), lo que evidencia una alta intensidad relativa de tala. Estos valores estuvieron asociados con los antecedentes de aprovechamiento, los permisos registrados y la estructura diamétrica considerada en la construcción del índice.

En cuanto a la estructura diamétrica, la mayoría de las localidades presentó una baja proporción de individuos con DAP ≥ 40 cm, con menos del 20 % de los individuos por encima de este umbral. El Choibá y Guapi presentaron proporciones intermedias de individuos con DAP ≥ 40 cm, mientras que Morromico fue la única localidad en la que más del 50 % de los individuos alcanzó o superó dicho diámetro. En consecuencia, Morromico presentó la mayor proporción de individuos por encima del diámetro mínimo de corta considerado en el *ITS*.

Figura 5. Índice de Tala Selectiva (*ITS*) estimado para las 11 localidades de muestreo de *C. guianensis*.



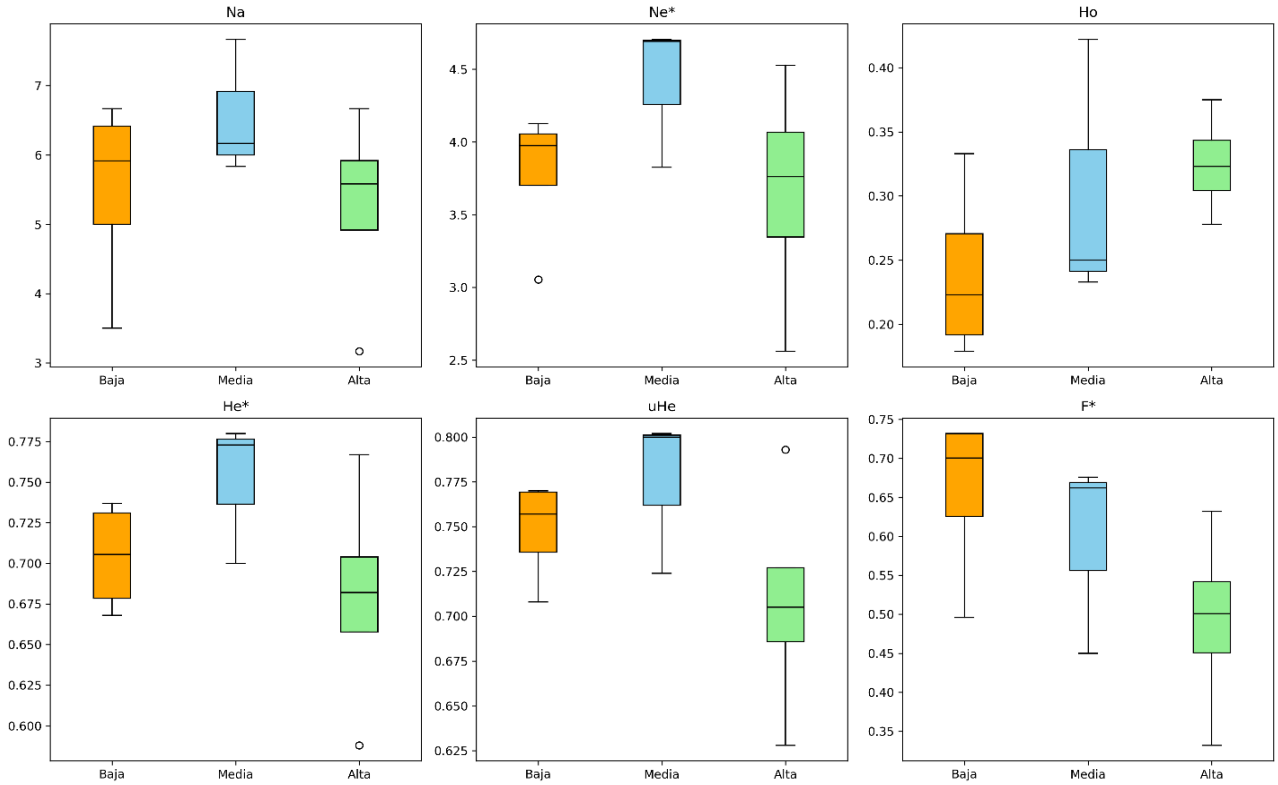
Relación entre la tala selectiva y los parámetros genéticos

El análisis de correlación mostró una asociación prácticamente nula entre *He* e *ITS* (*r* = -0,058) (Anexo 3). Este resultado no proporciona evidencia de una relación lineal entre la intensidad de tala estimada mediante el *ITS* y los niveles de diversidad genética de la especie. Por el contrario, *He* presentó una fuerte correlación positiva con *Ne* (*r* = 0,955), mientras que *F* mostró correlaciones positivas con *Na* (*r* = 0,758), *He* (*r* = 0,538) y *AT* (*r* = 0,619). Asimismo, *F* presentó una correlación negativa con *Ho* e *ITS*.

Las variables dasométricas también mostraron asociaciones entre sí, mientras que su relación con los parámetros genéticos fue baja. En particular, las correlaciones entre *AT* y *He* (*r* = -0,081) y entre AT y *Ne* (*r* = 0,096) fueron débiles. En conjunto, estos resultados indican que la variación observada en los parámetros genéticos no presentó una asociación lineal consistente con las variables dasométricas consideradas.

La distribución de los parámetros genéticos entre las categorías de intensidad de tala mostró diferencias entre localidades, pero no un gradiente monotónico evidente en función del *ITS* (Tabla 1; Figura 6). Las localidades con intensidad de tala baja a intermedia presentaron, en varios casos, valores elevados de *Na*, *Ne* y *He*, mientras que algunas localidades con alta intensidad de tala mostraron valores menores. Sin embargo, también se observaron excepciones a este patrón: Bajo San Juan presentó un *ITS* alto y, simultáneamente, valores elevados de *Ne* y *He*. Asimismo, Morromico y El Choibá presentaron valores bajos de *ITS* y elevados índices de fijación. Por tanto, la distribución de los parámetros genéticos entre las categorías de tala no permite atribuir las diferencias observadas exclusivamente a la intensidad del aprovechamiento.

Figura 6. Parámetros genéticos de *Carapa guianensis* en localidades clasificadas según la intensidad de tala selectiva.



Nota. *Na* = número promedio de alelos por locus; *Ne* = número promedio de alelos efectivos por locus; *Ho* = heterocigosidad observada; *He* = heterocigosidad esperada; *uHe* = heterocigosidad esperada no sesgada; *F* = índice de fijación.

El Modelo Lineal Generalizado mostró patrones diferenciados en la relación entre el *ITS* y los parámetros genéticos. Se observó una relación negativa entre el *ITS* y la heterocigosidad observada *Ho* (β = -0,28, *p* = 0,046), mientras que *He* mostró una tendencia negativa de menor magnitud. El índice de fijación (*F*) presentó una tendencia positiva con el *ITS*. En contraste, *Na*, *Ne* y *uHe* no mostraron relaciones estadísticamente significativas con el *ITS* (Anexo 4).

La asociación significativa entre *ITS* y *Ho* debe interpretarse con cautela. Asimismo, la ausencia de asociaciones significativas para *Na*, *Ne*, *He* y *uHe* no constituye evidencia de ausencia de efectos de la tala, sino que indica que no se detectaron relaciones lineales estadísticamente significativas con el tamaño de muestra y el diseño analítico empleados.

El análisis de componentes principales (PCA) explicó el 85 % de la varianza total mediante los dos primeros componentes PC1 y PC2 (Anexo 5). El PC1 estuvo principalmente asociado con los parámetros de diversidad genética y diferenció a localidades como Guapi y Bajo San Juan por sus valores elevados de riqueza alélica y diversidad. El PC2 mostró una asociación con la estructura dasométrica y el índice de fijación, destacando a Morromico y El Choibá por su asociación con individuos de mayor porte y valores elevados de *F*.

Las localidades se distribuyeron ampliamente en el espacio definido por los dos primeros componentes y no mostraron un patrón de agrupamiento claramente asociado con el nivel de tala. Bajo Calima, Cajambre y Barbacoas se asociaron con valores relativamente bajos de diversidad genética, mientras que Bajo San Juan, Guapi y Tumaco se ubicaron hacia el extremo de PC1 asociado con mayores valores de diversidad genética, pese a presentar diferentes niveles de *ITS*. En conjunto, el PCA respalda la existencia de variación multivariada entre las localidades que no se explica de manera evidente por la intensidad de tala. Sin embargo, debido a su carácter exploratorio y descriptivo, este análisis no permite establecer relaciones causales entre el *ITS* y los parámetros genéticos.

Discusión

En esta investigación se evidencia que las poblaciones de *C. guianensis* del Pacífico colombiano presentan diferencias en diversidad y estructura genética, pero no evidencian una relación lineal consistente entre la intensidad de tala selectiva y la mayoría de los parámetros genéticos evaluados. La asociación significativa entre el Índice de Tala Selectiva (*ITS*) y la heterocigosidad observada (*Ho*) sugiere un posible efecto de la intensidad de aprovechamiento sobre la composición genética de las poblaciones. Sin embargo, la ausencia de relaciones significativas con *Na*, *Ne*, *He* y *uHe*, impide atribuir los patrones observados exclusivamente a la tala. En conjunto, los resultados son compatibles con la participación de factores demográficos, ecológicos y espaciales, así como con las condiciones locales de manejo, en la configuración de la variación genética de la especie.

Las localidades con mayor intensidad relativa de tala, como Bajo Calima, Cajambre y Barbacoas, presentaron los valores más bajos de diversidad genética. No obstante, este patrón no fue consistente en todas las localidades sometidas a mayor presión de aprovechamiento. Bajo San Juan, por ejemplo, presentó un *ITS* alto y, simultáneamente, valores elevados de *Ne* y *He*. Esta variación entre localidades indica que la intensidad de tala, considerada de manera aislada, no explica adecuadamente los patrones de diversidad genética observados. La reducción del tamaño poblacional efectivo, la pérdida de conectividad y las alteraciones en los procesos de dispersión constituyen posibles mecanismos que podrían contribuir a estos patrones, pero su importancia relativa no puede establecerse con los datos obtenidos en este estudio. Este resultado contrasta con lo reportado por Cloutier et al. (2007) en la Amazonia brasileña, donde no se detectaron efectos genéticos atribuibles a la tala selectiva.

La pertenencia a una unidad de conservación tampoco se asoció de manera consistente con mayores niveles de diversidad genética. Guapi y Timbiquí, localidades ubicadas fuera de áreas protegidas, presentaron valores elevados de diversidad genética, mientras que El Pangán, ubicada dentro de una unidad de conservación,

presentó un *Ne* relativamente bajo. Sin embargo, este último resultado debe interpretarse con cautela debido a su reducido tamaño de muestra (n = 4). De manera similar, Morromico y El Choibá presentaron valores elevados de *F* (0,73 en ambas localidades), pese a registrar individuos de gran porte y encontrarse en áreas con baja intensidad relativa de tala. Estos resultados indican que la protección formal frente al aprovechamiento no garantiza por sí misma niveles elevados de diversidad genética y que otros componentes de la dinámica poblacional pueden contribuir a la variación observada.

En particular, los valores elevados de *F* registrados en Morromico y El Choibá son compatibles con un déficit de heterocigotos, lo que podría estar relacionado con procesos de endogamia. Estos resultados resaltan la importancia de considerar la regeneración, el reclutamiento y la conectividad genética entre poblaciones en las estrategias de conservación de *C. guianensis*, además de la regulación de la tala.

Las poblaciones analizadas presentaron niveles de diversidad genética relativamente altos (*He prom.*: 0,71), similares a los reportados por Cloutier et al. (2007) y superiores a los descritos por Dayanandán et al. (1999) en Costa Rica. Sin embargo, la mayoría de las localidades presentaron un déficit de heterocigotos (*Ho* < *He*), consistente con las desviaciones del equilibrio de Hardy-Weinberg observadas en los análisis. Este patrón es consistente con la estructura genética detectada y sugiere que, a pesar de los valores de riqueza alélica, el flujo génico entre las poblaciones del norte y el sur es limitado.

La diferenciación genética encontrada entre localidades (F_{ST} = 0,134; p = 0,001) evidencia una proporción significativa de variación genética atribuible a diferencias entre poblaciones. Los análisis de estructura genética identificaron dos grupos principales: uno predominantemente asociado con las localidades del norte, Morromico y El Choibá, y otro con las localidades del sur, Timbiquí, Guapi, Barbacoas, Tumaco y El Pangán. Las localidades centrales, Bajo San Juan, Bahía Málaga, Bajo Calima y Cajambre, presentaron una composición genética intermedia, con representación de ambos grupos. La estructura observada sugiere que factores ecológicos, demográficos y espaciales condicionan la conectividad entre poblaciones (Kremer et al., 2012; Slatkin, 1994).

La distribución espacial de los grupos genéticos es también compatible con un posible papel de los mecanismos de dispersión descritos para la especie. Las semillas de *C. guianensis* pueden dispersarse mediante el agua y la gravedad y, secundariamente, mediante fauna, incluidos roedores medianos como el pecarí de collar y el guatín (Cloutier et al., 2005; Guariguata et al., 2002; McHargue & Hartshorn, 1983). Estos mecanismos podrían contribuir al intercambio genético entre localidades, aunque los datos obtenidos no permiten determinar su contribución relativa ni establecer directamente la existencia de flujo génico a escala regional.

La población de Tumaco constituye un caso particular para la interpretación de la estructura genética, debido a que corresponde a una plantación establecida por la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA) a partir de dos procedencias: una local, de Tumaco, y otra procedente de la Amazonia e introducida artificialmente. La similitud genética observada entre Tumaco y otras poblaciones del sur del Pacifico, en conjunto con material de procedencia amazónica, plantea la posibilidad de una conexión histórica entre ambas regiones y de la existencia de linajes compartidos (Scotti-Saintagne et al., 2013). En consecuencia, estudios futuros filogenéticos y biogeográficos adicionales podrían contribuir a reconstruir la historia evolutiva y biogeográfica de la especie y evaluar si las similitudes genéticas observadas corresponden a procesos históricos o más recientes.

Desde la perspectiva del manejo forestal, los resultados sugieren que las estrategias de aprovechamiento deben considerar tanto la intensidad de la extracción como las características demográficas y genéticas de cada población. Bahía Málaga presentó valores intermedios de los parámetros genéticos y un nivel intermedio de *ITS*, pero los resultados disponibles no permiten establecer que el esquema de manejo aplicado en esta localidad sea la causa de una mayor viabilidad genética. Por tanto, aunque la regulación de los diámetros

mínimos de corta y de la intensidad de aprovechamiento constituye una herramienta potencialmente relevante para reducir la pérdida de individuos reproductivos, su efectividad sobre la diversidad genética debe evaluarse mediante monitoreos demográficos y genéticos de largo plazo (Ipinza, 2012; Vinceti et al., 2004). Esta aproximación coincide con la necesidad de incorporar la dimensión genética en los planes de manejo forestal sostenible (Castellanos et al., 2022; FAO et al., 2007).

Los resultados también permiten identificar poblaciones que podrían ser consideradas prioritarias para estudios de conservación genética. Bajo Calima, Cajambre y Barbacoas presentaron valores relativamente bajos de diversidad genética, mientras que Morromico y El Choibá mostraron los valores más altos de *F*. Si bien, estas características el enriquecimiento con material reproductivo procedente de diferentes localidades aledañas podría evaluarse como estrategia de restauración, procurando mantener la representación de la variación genética local. Asimismo, la selección de árboles semilleros con buen vigor y dimensiones adecuadas podría contribuir al mantenimiento de la regeneración y de la diversidad genética, en concordancia con estrategias propuestas para especies nativas en bosques secos tropicales de Colombia (Aguirre-Morales et al., 2020; Fremout et al., 2021).

La variación genética observada podría estar relacionada, además, con procesos reproductivos. *C. guianensis* depende de insectos para su polinización, por lo que cambios en la composición o abundancia de los polinizadores y en la disponibilidad de recursos florales podrían modificar el movimiento de polen entre individuos y poblaciones. Estudios que integren fenología, biología reproductiva, composición de polinizadores y flujo de polen permitirían evaluar esta posibilidad y mejorar la interpretación de los patrones genéticos encontrados en este estudio.

Desde una perspectiva práctica, la información obtenida ofrece lineamientos concretos para fortalecer los planes de manejo forestal en el Pacífico colombiano y garantizar la producción forestal (madera y frutos) a mediano y largo plazo. La diferenciación genética norte-sur, junto con la influencia de gradientes ambientales y espaciales sugieren que las estrategias deben diseñarse a escala de paisaje, asegurando conectividad genética entre los distintos sectores de la región. A su vez, las diferencias en DAP y altura entre poblaciones evidencian que las cuotas de aprovechamiento deben considerar la estructura diamétrica local, priorizando la conservación de árboles reproductores y la regeneración natural. En consecuencia, los planes de manejo deberían incluir: 1) monitoreo periódico de la estructura y dinámica demográfica, 2) evaluación y ajuste de los diámetros mínimos de corta de acuerdo con las características poblacionales y 3) estrategias de enriquecimiento y restauración que consideren la diversidad genética disponible y la procedencia del material reproductivo, articuladas con la participación comunitaria. La incorporación de estos componentes permitiría evaluar de manera más integral la sostenibilidad del aprovechamiento y contribuir al mantenimiento de la diversidad genética de *C. guianensis* frente a las presiones extractivas y a los escenarios de cambio climático.

Conclusiones

Carapa guianensis presenta variación de la diversidad genética entre las poblaciones evaluadas en el Pacífico colombiano, las cuales se estructuran en dos grupos genéticos. Los resultados no evidencian una relación lineal consistente entre la intensidad de tala selectiva y la mayoría de los parámetros genéticos, por lo que no es posible atribuir las diferencias observadas exclusivamente al aprovechamiento maderable. La variación de los parámetros genéticos identificada refleja la interacción de factores demográficos, ecológicos y espaciales, aunque la contribución relativa de estos factores se desconoce.

La pertenencia a unidades de conservación no se relacionó de manera consistente con mayores niveles de diversidad genética. Por tanto, la protección formal frente al aprovechamiento no constituye un indicador suficiente del estado genético de las poblaciones. En este sentido, la conservación de *C. guianensis* requiere complementar la regulación del aprovechamiento con el seguimiento de la estructura y dinámica demográfica,

la regeneración y el reclutamiento, así como con estrategias que mantengan la conectividad entre poblaciones.

En conjunto, estos resultados aportan elementos para fortalecer el manejo y la producción forestal de *C. guianensis* en el Pacífico colombiano y resaltan la necesidad de incorporar información genética y demográfica en la toma de decisiones. Las estrategias de manejo deberían considerar la variación espacial entre poblaciones y evitar la aplicación de criterios uniformes a escala regional, con el propósito de compatibilizar el aprovechamiento maderable con el mantenimiento de la diversidad genética y la persistencia de las poblaciones naturales.

Agradecimientos

Los autores agradecen a las comunidades del Pacífico colombiano por su participación y apoyo durante el trabajo de campo. Asimismo, expresan su reconocimiento a la Universidad del Tolima y al Centro Forestal Tropical Pedro Antonio Pineda, en Bajo Calima; a los consejos comunitarios de Bajo Calima y La Plata-Bahía Málaga; al Jardín Botánico del Pacífico; a las reservas de Morromico y Choibá; a la Reserva ProAves El Pangán; a la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria (AGROSAVIA) y al Centro de Investigación El Mira; y al Sistema de Parques Nacionales Naturales de Colombia (SINAP), por su colaboración y apoyo logístico durante el desarrollo de la investigación. Finalmente, agradecen al Ministerio de Ciencia, Tecnología e Innovación de Colombia (MinCiencias) y la convocatoria 852-2019 de proyectos conectando conocimiento por la financiación de este estudio.

Contribuciones de los autores

Conceptualización: Kelly T. Bocanegra-González, Fernando Fernández-Méndez y Yani Aranguren-Díaz; metodología: Kelly T. Bocanegra-González, Fernando Fernández-Méndez y Yani Aranguren-Díaz; investigación: Kelly T. Bocanegra-González, Gloria Daniela González-Zúñiga, Fernando Fernández-Méndez, Juan Pablo Cuevas-González y Yani Aranguren-Díaz; análisis formal: Kelly T. Bocanegra-González, Gloria Daniela González-Zúñiga y Juan Pablo Cuevas-González; redacción — borrador original: Kelly T. Bocanegra-González y Gloria Daniela González-Zúñiga; redacción — revisión y edición: todos los autores; supervisión: Kelly T. Bocanegra-González; administración del proyecto: Fernando Fernández-Méndez; aprobación de la versión final: todos los autores.

Referencias

Aguilar, R., Quesada, M., Ashworth, L., Herrerías-Diego, Y., & Lobo, J. A. (2008). Genetic consequences of habitat fragmentation in plant populations: Susceptible signals in plant traits and methodological approaches. *Molecular Ecology, 17*(24), 5177–5188. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03971.x

Aguirre-Morales, C. A., Thomas, E., Cardozo, C. I., Gutiérrez, J., Alcázar-Caicedo, C., Moscoso-Higuita, L. G., Becerra López-Lavalle, L. A., & González, M. A. (2020). Genetic diversity of the rain tree (*Albizia saman*) in Colombian seasonally dry tropical forest for informing conservation and restoration interventions. *Ecology and Evolution, 10*(4), 1905–1916. https://doi.org/10.1002/ece3.6005

Albarán-Castro, N. J., Forero Peña, L. A., Fernández-Méndez, F., García Andrade, J. M., Leal Villamil, J., Leiva Rojas, E. I., Ramírez Pisco, R., Melo, O. A., Ruiz Peña, D., Gomes Dias, L., Llano Arias, C. A., Rivera Pérez, J. M., Orrego Meza, J. G., Henao, C., Velásquez Blanco, D., Hernández Cortes, I. C., Navarro, I., Salazar Salina, L. F., Jaramillo Rivera, D., & Montaño, M. (2020). *Avances y perspectivas de investigación en biodiversidad y su uso en el territorio colectivo del Bajo Calima*. Universidad del Tolima.

Aranguren-Díaz, Y. C., Varani, A. M., Michael, T. P., & Miranda, V. F. O. (2018). Development of microsatellite markers for the carnivorous plant *Genlisea aurea* (Lentibulariaceae) using genomics data of NGS. *Molecular Biology Reports, 45*(1), 57–61. https://doi.org/10.1007/s11033-017-4140-1

Araujo-Lima, C. F., Fernandes, A. S., Gomes, E. M., Oliveira, L. L., Macedo, A. F., Antoniassi, R., Wilhelm,

A. E., Aiub, C. A., & Felzenszwalb, I. (2018). Antioxidant activity and genotoxic assessment of crabwood (andiroba, *Carapa guianensis* Aublet) seed oils. *Oxidative Medicine and Cellular Longevity, 2018*, Article 3246719. https://doi.org/10.1155/2018/3246719

Ardila-Fernández, A. F., Moncayo-Calvache, V., & Moreno-Caicedo, B. A. (2022). *Manual para la producción de especies forestales de bosque húmedo tropical del Pacífico: Criterios técnicos para la selección y germinación de semillas*. Agrosavia.

Armenteras, D., González, T. M., Meza, M., Ramírez-Delgado, J. P., Cabrera, E., Galindo, G., & Yepes, A. (Eds.). (2018). *Causas de degradación forestal en Colombia: Una primera aproximación*. Universidad Nacional de Colombia; IDEAM; Programa ONU-REDD.

Bacca-Acosta, P. P., Zuluaga-Peláez, J. J., Castaño-Colorado, Á. A., & Ardila-Fernández, A. F. (2021). Growth potential of *Carapa guianensis* (Aubl.) in Tumaco, Colombia. *Revista Chapingo Serie Ciencias Forestales y del Ambiente, 27*(3), 401–412. https://doi.org/10.5154/r.rchscfa.2020.09.062

Blanco, J. (2020). *Caracterización de las 30 especies forestales maderables más movilizadas en Colombia provenientes del bosque natural*. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura; Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible; Unión Europea.

Bocanegra-González, K. T., Cuevas-González, J. P., & Pennington, R. T. (2024). Ecological delimitation of the Chocó region. En K. T. Bocanegra-González (Ed.), *The genus Inga in the Chocó region* (pp. 19–48). Sello Editorial Universidad del Tolima.

Cabezas, J. P. (2023). *Análisis del manejo y aprovechamiento de las especies Carapa guianensis, Humiriastrum procerum y Magnolia calimaensis en el Pacífico colombiano* [Tesis de pregrado, Universidad del Tolima].

Castellanos, N., Martínez, G., Mora, R., Reyes, C., & Silva, L. (2022). *Iniciativas de forestería comunitaria en Colombia*. Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible; ONF Andina; Instituto Forestal Europeo (EFI), en el marco del Programa EU REDD Facility con recursos de la Unión Europea.

Centeno, A., Castro, S. Y., Curi, V., Hernández, J., & Guerrero, D. C. (2024). *Manejo y aprovechamiento sostenible de las especies silvestres andiroba y copaiba*. Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas SINCHI.

Cloutier, D., Kanashiro, M., Ciampi, A. Y., & Schoen, D. J. (2007). Impact of selective logging on inbreeding and gene dispersal in an Amazonian tree population of *Carapa guianensis* Aubl. *Molecular Ecology, 16*(4), 797–809. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2006.03193.x

Cloutier, D., Povoa, J. S. R., & Procopio, L. C. (2005). Chloroplast DNA variation of *Carapa guianensis* in the Amazon basin. *Silvae Genetica, 54*(1), 270–274. https://doi.org/10.1515/sg-2005-0039

Corporación para el Desarrollo Sostenible del Urabá (CORPOURABA). (1995). *Resolución 076395B del 4 de agosto de 1995, por la cual se establece, entre otras cosas, los valores que se deberán pagar a CORPOURABA los concesionarios o beneficiarios de permisos de aprovechamiento forestal y la veda de la explotación de algunas especies forestales*.

Costa-Silva, J. H., Lyra, M. M. A., Lima, C. R., Arruda, V. M., Araújo, A. V., Ribeiro e Ribeiro, A., Arruda, A. C., Fraga, M. C. C. A., Lafayette, S. S. L., & Wanderley, A. G. (2007). A toxicological evaluation of the effect of *Carapa guianensis* Aublet on pregnancy in Wistar rats. *Journal of Ethnopharmacology, 112*(1), 122–126. https://doi.org/10.1016/j.jep.2007.02.004

Dawson, T. P., Jackson, S. T., House, J. I., Prentice, I. C., & Mace, G. M. (2011). Beyond predictions: Biodiversity conservation in a changing climate. *Science, 332*(6025), 53–58. https://doi.org/10.1126/science.1200303

Dayanandán, S., Dole, J., Bawa, K., & Kesseli, R. (1999). Population structure delineated with microsatellite markers in fragmented populations of a tropical tree, *Carapa guianensis* (Meliaceae). *Molecular Ecology, 8*(10), 1585–1592. https://doi.org/10.1046/j.1365-294x.1999.00735.x

Evanno, G., Regnaut, S., & Goudet, J. (2005). Detecting the number of clusters of individuals using the software STRUCTURE: A simulation study. *Molecular Ecology, 14*(8), 2611–2620. https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2005.02553.x

FAO, FLD, & Bioversity International. (2007). *Conservación y manejo de recursos genéticos forestales. Vol. 1: Visión general, conceptos y algunos métodos sistemáticos*. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos.

Fremout, F., Thomas, E., Bocanegra-González, K. T., Aguirre-Morales, C. A., Morillo-Paz, A. T., Atkinson, R., Kettle, C., González-M., R., Alcázar-Caicedo, C., González, M. A., Gil-Tobón, C., Gutiérrez, J. P., Moscoso-Higuita, L. G., López-Lavalle, L. A. B., de Carvalho, D., & Muys, B. (2021). Dynamic seed zones to guide climate-smart seed sourcing for tropical dry forest restoration in Colombia. *Forest Ecology and Management, 490*, 119127. https://doi.org/10.1016/j.foreco.2021.119127

González, M. A., & Arenas-Castro, H. (Eds.). (2017). *Recolección de tejidos biológicos para análisis genéticos*. Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt.

González-Jiménez, A., Delgado-Valerio, P., Molina-Sánchez, A., Flores-López, C., Vargas-Gutiérrez, J. P., & García-Magaña, J. (2021). Diversidad genética en poblaciones de *Pinus remota* (Pinaceae) del noreste de México: Evidencias de declinamiento demográfico histórico. *Acta Botánica Mexicana, 128*, e1890. https://doi.org/10.21829/abm128.2021.1890

Guariguata, M. R., Arias-LeClaire, H., & Jones, G. (2002). Tree seed fate in a logged and fragmented forest landscape, northeastern Costa Rica. *Biotropica, 34*(3), 405–415. https://www.jstor.org/stable/4132939

Ipinza, R. (2012). Los recursos genéticos forestales en el contexto de la utilización ecoeficiente en Chile. En R. Ipinza, S. Barros, B. Gutiérrez, C. Magni, & J. Torres (Eds.), *Recursos genéticos forestales de Chile*. Instituto Forestal de Chile.

Jakobsson, M., & Rosenberg, N. A. (2007). The probability distribution under a population divergence model of the number of genetic founding lineages of a population or species. *Theoretical Population Biology, 71*(4), 502–523. https://doi.org/10.1016/j.tpb.2007.01.004

Kremer, A., Ronce, O., Robledo-Arnuncio, J. J., Guillaume, F., Bohrer, G., Nathan, R., Bridle, J. R., Gomulkiewicz, R., Klein, E. K., Ritland, K., Kuparinen, A., Gerber, S., & Schueler, S. (2012). Long-distance gene flow and adaptation of forest trees to rapid climate change. *Ecology Letters, 15*(4), 378–392. https://doi.org/10.1111/j.1461-0248.2012.01746.x

Lodhi, M. A., Ye, G. N., Weeden, N. F., & Reisch, B. I. (1994). A simple and efficient method for DNA extraction from grapevine cultivars and *Vitis* species. *Plant Molecular Biology Reporter, 12*(1), 6–13. https://doi.org/10.1007/BF02668658

Lowe, A. J., Boshier, D., Ward, M., Bacles, C. F. E., & Navarro, C. (2005). Genetic resource impacts of habitat loss and degradation: Reconciling empirical evidence and predicted theory for neotropical trees. *Heredity, 95*, 255–273. https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800725

Lozano, L., & González, J. (2011). Bajo Calima: Riqueza biológica y cultural afectada por la extracción de maderas tropicales. *Revista Lebret, 3*, 205–220. https://repositorioslatinoamericanos.uchile.cl/handle/2250/3674433

Martínez-Guardia, M., Torres-Torres, J. J., & Medina-Arroyo, H. H. (2015). Aprovechamiento forestal maderable en cuatro municipios del departamento de Chocó, Colombia. *Revista de Investigación Agraria y Ambiental, 6*(2), 57–73. https://doi.org/10.22490/21456453.1405

McHargue, L. A., & Hartshorn, G. S. (1983). Seed and seedling ecology of *Carapa guianensis*. *Turrialba, 33*(4), 399–404. https://repositorio.catie.ac.cr/handle/11554/12044

Meyer, V., Saatchi, S., Ferraz, A., Xu, L., Duque, A., García, M., & Chave, J. (2019). Forest degradation and biomass loss along the Chocó region of Colombia. *Carbon Balance and Management, 14*,

Article 2. https://doi.org/10.1186/s13021-019-0117-9

Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible. (2012). *Política Nacional para la Gestión Integral de la Biodiversidad y sus Servicios Ecosistémicos*.

Ministerio de Ambiente y Desarrollo Sostenible. (2015). *Pacto intersectorial por la madera legal en Colombia* (4.ª ed.).

Miot, H. A., Batistella, R. F., Batista, K. A., Volpato, D. E. C., Augusto, L. S. T., Madeira, N. G., Haddad, V., Jr., & Miot, L. D. B. (2004). Comparative study of the topical effectiveness of the andiroba oil (*Carapa guianensis*) and DEET 50% as repellent for *Aedes* sp. *Revista do Instituto de Medicina Tropical de São Paulo, 46*(5), 253–256. https://doi.org/10.1590/S0036-46652004000500004https://doi.org/10.1590/s0036-46652004000500004

Mittermeier, R. A., Turner, W. R., Larsen, F. W., Brooks, T. M., & Gascon, C. (2011). Global biodiversity conservation: The critical role of hotspots. En F. E. Zachos & J. C. Habel (Eds.), *Biodiversity hotspots: Distribution and protection of conservation priority areas* (pp. 3–22). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-20992-5_1

Naciones Unidas. (2018). *La Agenda 2030 y los Objetivos de Desarrollo Sostenible: Una oportunidad para América Latina y el Caribe* (LC/G.2681-P/Rev.3).

Nei, M. (1978). Estimation of average heterozygosity and genetic distance from a small number of individuals. *Genetics, 89*(3), 583–590. https://doi.org/10.1093/genetics/89.3.583

Peakall, R., & Smouse, P. E. (2012). GenAlEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics, 28*(19), 2537–2539. https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bts460

Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics, 155*(2), 945–959. https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945

Rangel-Ch, J. O. (2004). Amenazas a la biota y a los ecosistemas del Chocó biogeográfico. En J. O. Rangel-Ch. (Ed.), *Colombia diversidad biótica IV: El Chocó biogeográfico/Costa Pacífica* (pp. 841–866). Universidad Nacional de Colombia; Conservación Internacional.

Reina, F. P. (2023). *Efecto de la deforestación en el cambio climático en la parroquia Cascol* [Tesis de pregrado, Universidad Estatal del Sur de Manabí]. http://repositorio.unesum.edu.ec/handle/53000/6192

Santos, L. F. C., Maués, M. M., & Silva, M. F. F. (2006). *Aspectos de la biología floral de Carapa guianensis Aubl. Meliaceae (Andiroba)* [Tesis doctoral, Universidad de Brasilia].

Schuelke, M. (2000). An economic method for the fluorescent labeling of PCR fragments. *Nature Biotechnology, 18*(2), 233–234. https://doi.org/10.1038/72708

Scotti-Saintagne, C., Dick, C. W., Caron, H., Vendramin, G. G., Guichoux, E., Buonamici, A., Duret, C., Sire, P., Valencia, R., Lemes, M. R., Gribel, R., & Scotti, I. (2013). Phylogeography of a species complex of lowland Neotropical rain forest trees (*Carapa*, Meliaceae). *Journal of Biogeography, 40*(4), 676–692. https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2011.02678.x

Shanley, P., Cymerys, M., Serra, M., & Medina, G. (Eds.). (2011). *Fruit trees and useful plants in Amazonian life*. Food and Agriculture Organization of the United Nations; Center for International Forestry Research; People and Plants International.

Slatkin, M. (1994). Gene flow and population structure. En L. A. Real (Ed.), *Ecological genetics* (pp. 3–17).*Genetics.* Princeton University Press. https://www.uv.mx/personal/tcarmona/files/2010/08/Slatkin-1994.pdf

The International Tropical Timber Organization. (– ITTO (17 de abril de 2024, April 17). *Tangare (Carapa guianensis)*. http://www.tropicaltimber.info/es/specie/tangare-carapa-guianensis/#lower-content

Tysklind, N., Blanc-Jolivet, C., Mader, M., Meyer-Sand, B. R., Paredes-Villanueva, K., Honorio, E. N., García-Dávila, C. R., Sebbenn, A. M., Caron, H., Troispoux,

V., Guichoux, E., & Degen, B. (2019). Development of nuclear and plastid SNP and INDEL markers for population genetic studies and timber traceability of *Carapa* species. *Conservation Genetics Resources, 11*, 337–339. https://doi.org/10.1007/s12686-019-01090-2

Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza. (2017). *Carapa guianensis*. *The IUCN Red List of Threatened SpeciesLista Roja de Especies Amenazadas de la UICN 2017*. https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2017-3.RLTS.T61794008A61794012.en

van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M., & Shipley, P. (2004). Micro-checker: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes, 4*(3), 535–538. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x

Vinceti, B., Amaral, W., & Meilleur, B. (2004). *Desafíos de la ordenación de los recursos genéticos silvícolas para contribuir a la subsistencia: Ejemplos de Argentina y Brasil*. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos.

Vinson, C. C., Azevedo, V. C. R., Sampaio, I., & Ciampi, A. Y. (2005). Development of microsatellite markers for *Carapa guianensis* (Aublet), a tree species from the Amazon Forest. *Molecular Ecology Notes, 5*, 33–34. https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00821.x

Young, A., Boyle, T., & Brown, A. H. D. (1996). The population genetic consequences of habitat fragmentation for plants. *Trends in Ecology & Evolution, 11*(10), 413–418. https://doi.org/10.1016/0169-5347(96)10045-8

Anexos

Anexo 1. Ubicación geográfica de las localidades muestreadas en el Pacífico colombiano.

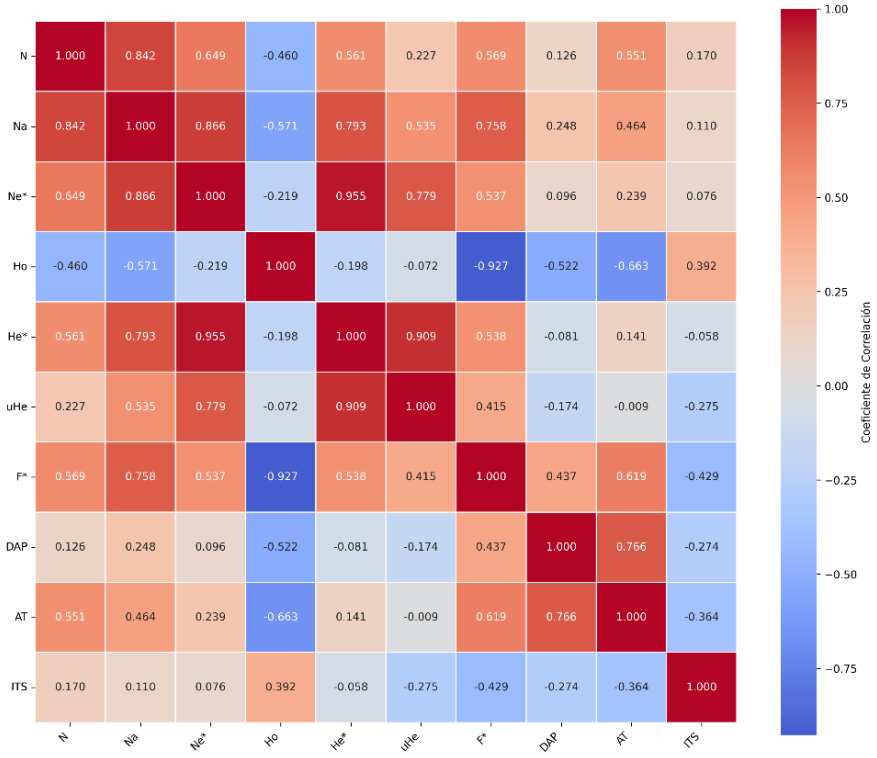
Código	País	Departamento	Municipio	Localidad	Hábitat	Nombre científico	Nombre común	Latitud	Longitud (m s. n. m.)
CG-MM	COL	Chocó	Nuquí	Morromico	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Güina	5,850118	-77,280732
CG-CH	COL	Chocó	Nuquí	El Choibá	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Güina	5,572793	-77,501462
CG-SJ	COL	Chocó	Litoral de San Juan	Bajo San Juan	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	4,141711	-77,421815
CG-BM	COL	Valle del Cauca	Buenaventura	Bahía Málaga	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	3,988322	-77,238709
CG-BC	COL	Valle del Cauca	Buenaventura	Bajo Calima	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare de montaña	3,938963	-76,983545
CG-CA	COL	Valle del Cauca	Buenaventura	Cajambre	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	3,564088	-77,210501
CG-TB	COL	Cauca	Timbiquí	Timbiquí	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	2,699288	-77,736812
CG-GP	COL	Cauca	Guapi	Guapi	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	2,596165	-77,701238
CG-BO	COL	Nariño	Barbacoas	Barbacoas	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	1,685828	-78,141765
CG-TU	COL	Nariño	Tumaco	Tumaco	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	1,380610	-78,540012
CG-PN	COL	Nariño	Barbacoas	El Pangán	BHT	*Carapa guianensis* Aubl.	Tangare	1,360940	-78,083217

Notas. COL = Colombia; BHT = bosque húmedo tropical.

Anexo 2. Estimación del número óptimo de grupos genéticos (K) mediante el método de Evanno.

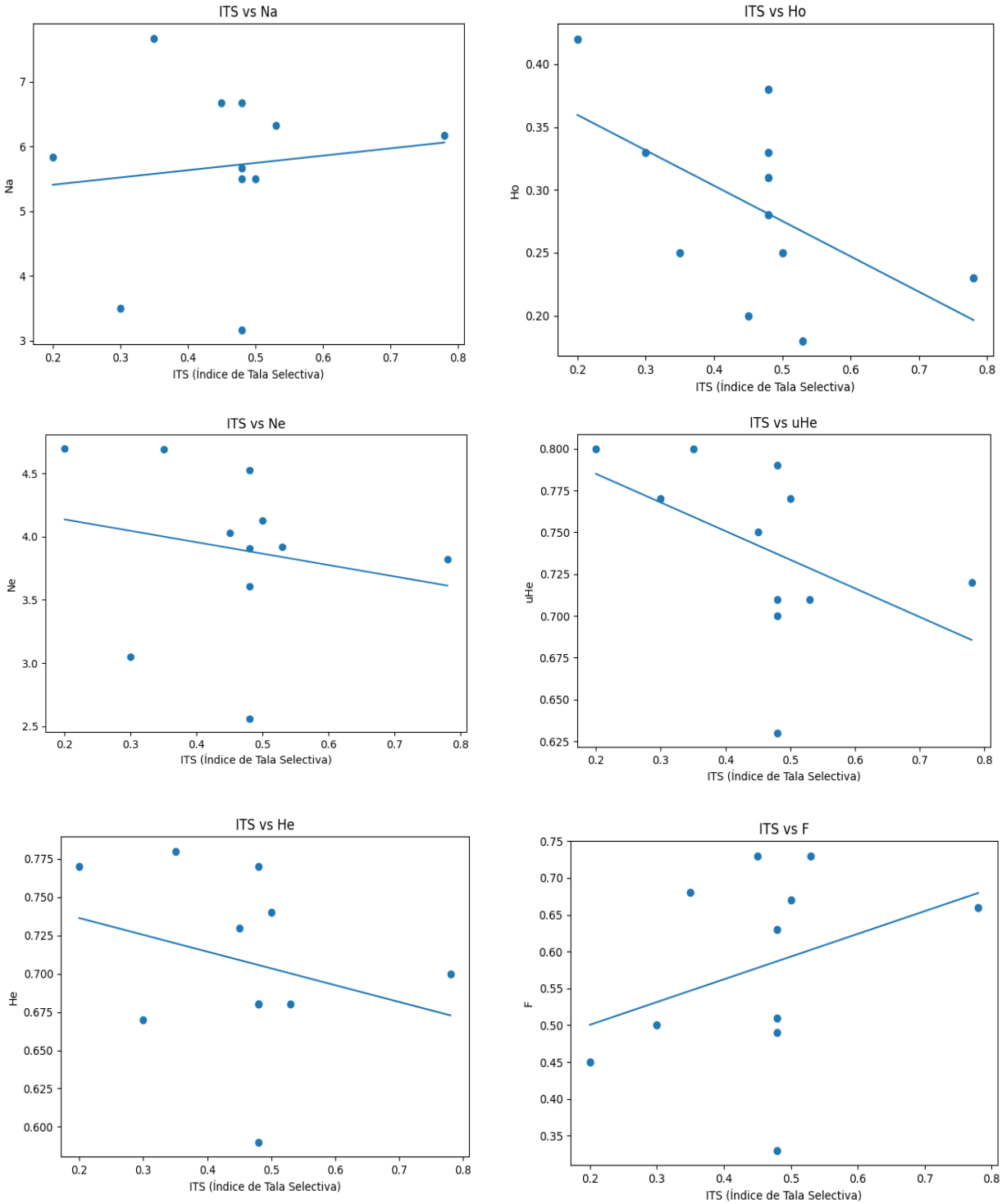
# K	Réplicas	Mean LnP(K)	Stdev LnP(K)	Ln'(K)	|Ln''(K)|	Delta K
1	10	-42.707.900	0.2183	NA	NA	NA
2	10	-39.172.200	0.3225	353.570.000	163.580.000	507.240.047
3	10	-37.272.300	0.3401	189.990.000	83.600.000	245.811.483
4	10	-36.208.400	25.739	106.390.000	1.680.000	0.652710
5	10	-35.127.700	40.211	108.070.000	14.510.000	3.608.493
6	10	-34.192.100	125.508	93.560.000	6.990.000	0.556935
7	10	-33.186.600	40.253	100.550.000	29.490.000	7.326.246
8	10	-32.476.000	22.450	71.060.000	12.310.000	5.483.310
9	10	-31.888.500	47.263	58.750.000	5.020.000	1.062.132
10	10	-31.351.200	61.230	53.730.000	4.260.000	0.695742
11	10	-30.771.300	32.076	57.990.000	20.635.000	6.433.064
12	4	-30.397.750	14.660	37.355.000	NA	NA

Anexo 3. Análisis de correlación de Pearson.



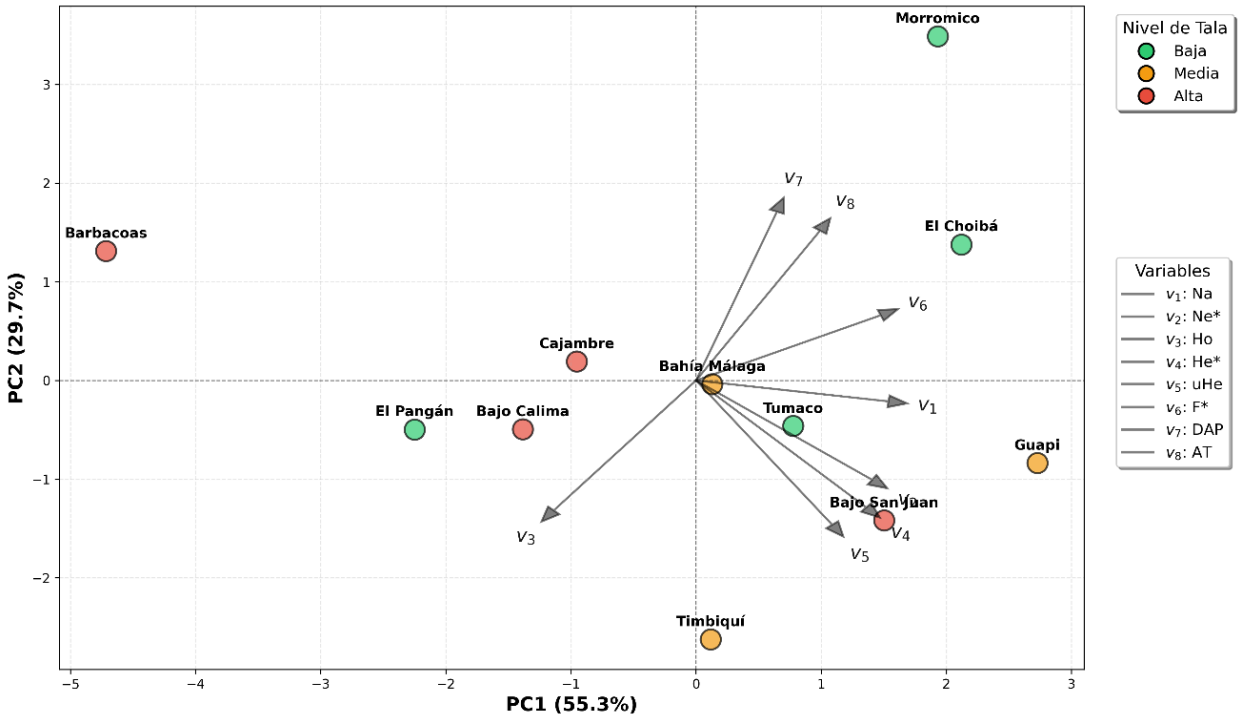
Notas. *Na* = número de alelos; *Ne* = número de alelos efectivos; *Ho* = heterocigosidad observada; *He* = heterocigosidad esperada; *uHe* = heterocigosidad esperada no sesgada; *F* = índice de endogamia; *DAP* = diámetro a la altura del pecho; *AT* = altura total; *ITS* = índice de tala selectiva.

Anexo 4. Resultados del Modelo Lineal Generalizado entre el índice de tala selectiva (ITS) y los parámetros genéticos evaluados.



Notas. *Na* = número de alelos; *Ne* = número de alelos efectivos; *Ho* = heterocigosidad observada; *He* = heterocigosidad esperada; *uHe* = heterocigosidad esperada no sesgada; *F* = índice de endogamia.

Anexo 5. Análisis de componentes principales (PCA)



Notas. *Na* = número de alelos; *Ne* = número de alelos efectivos; *Ho* = heterocigosidad observada; *He* = heterocigosidad esperada; *uHe* = heterocigosidad esperada no sesgada; *F* = índice de endogamia; *DAP* = diámetro a la altura del pecho; *AT* = altura total.