



DOI: 10.29298/rmcf.v17i97.1662

Artículo de investigación

Flujo y conectividad genética de *Bursera linanoe* (La Llave) Rzed., Calderón & Medina en un paisaje fragmentado

Gene flow and genetic connectivity of *Bursera linanoe* (La Llave) Rzed., Calderón & Medina in a fragmented landscape

Iris J. Cruz-Larios¹, Alejandra Moreno-Letelier^{1*}

Fecha de recepción/Reception date: 18 de marzo de 2026.

Fecha de aceptación/Acceptance date: 14 de julio de 2026.

¹Jardín Botánico, Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México. México.

*Autor para correspondencia; correo-e: amletelier@ib.unam.mx

*Corresponding author; e-mail: amletelier@ib.unam.mx

Resumen

La fragmentación del hábitat amenaza la persistencia de las especies, al reducir el flujo génico. *Bursera linanoe*, un árbol endémico y de importancia cultural en el centro-sur de México, presenta declive poblacional debido a la presión extractiva y pérdida de hábitat. Se analizó la estructura genética y la conectividad poblacional de esta especie mediante herramientas de genética molecular, modelación espacial y análisis ecológicos. Se evaluaron cuatro poblaciones con marcadores ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeats*) y se determinó una diferenciación genética de moderada a alta ($F_{ST}=0.31$), lo que indica una limitada conectividad genética entre localidades. Los análisis multivariados y bayesianos identificaron tres grupos genéticos principales asociados a regiones geográficas (Morelos, Guerrero y Oaxaca); ello sugiere que tanto barreras físicas, como la fragmentación del hábitat han influido en la estructuración genética. La prueba de *Mantel* evidenció aislamiento por distancia, mientras que el análisis de redes de migración mostró un flujo asimétrico, con conectividad entre poblaciones centrales, que indicaron posibles dinámicas fuente-sumidero. Los modelos de genética del paisaje revelaron que la distancia geográfica y la resistencia del paisaje tienen efectos similares, lo que sugiere que la conectividad no depende de un solo factor, sino de su interacción. Adicionalmente, la modelación de nicho evidenció traslape espacial entre *B. linanoe* y aves frugívoras (principalmente *Myiarchus* y *Tyrannus*), lo que respalda su papel como dispersores claves. El estudio destaca la importancia de conservar corredores biológicos y las interacciones planta-dispersor para mantener la viabilidad genética de la especie.

Palabras clave: Biología de la conservación, dispersión biótica, dispersión de semillas, estructura genética, genética del paisaje, selva caducifolia.

Abstract

Habitat fragmentation threatens the survival of species by reducing gene flow. *Bursera linanoe*, a tree that is endemic to and of cultural importance in South-Central Mexico, is experiencing a population decline due to harvesting pressure and habitat loss. The genetic structure and population connectivity of this species were analyzed using molecular genetic tools, spatial modeling, and ecological analyses. Four populations were analyzed using ISSR (Inter-Simple Sequence Repeats) markers, and moderate to high genetic differentiation was observed ($F_{ST}=0.31$), indicating limited genetic connectivity among locations. Multivariate and Bayesian analyses identified three major genetic groups associated with geographic regions (*Morelos*, *Guerrero*, and *Oaxaca*); this suggests that both physical barriers and habitat fragmentation have influenced genetic structuring. The Mantel test revealed distance-based isolation, while the migration network analysis showed an asymmetric flow, with connectivity between central populations, suggesting possible source-sink dynamics. Landscape genetics models revealed that geographic distance and landscape resistance have similar effects, suggesting that connectivity does not depend on a single factor, but rather on their interaction. In addition, niche modeling revealed spatial overlap between *B. linanoe* and fruit-eating birds (primarily *Myiarchus* and *Tyrannus*), which supports their role as a key disperser. The study highlights the importance of preserving biological corridors and plant-disperser interactions to maintain the species' genetic viability.

Keywords: Conservation biology, biotic dispersal, seed dispersal, genetic structure, landscape genetics, deciduous forest.

Introducción

La fragmentación del hábitat es uno de los principales factores que comprometen la persistencia de especies, al reducir la conectividad entre poblaciones (Fischer & Lindenmayer, 2007). Este proceso se intensifica en el centro-sur de México, donde la selva caducifolia ha sido severamente transformada por el cambio de uso de suelo y la extracción de recursos (Miles et al., 2006; Trejo & Dirzo, 2000). Se estima que más de 70 % de su cobertura original ha sido alterada, y con ello se ha generado un paisaje altamente fragmentado (Portillo-Quintero & Sánchez-Azofeifa, 2010). En este contexto, las especies leñosas endémicas de la selva caducifolia enfrentan la reducción del tamaño efectivo de sus poblaciones y la pérdida de conectividad genética (Mesa-Sierra et al., 2022; Rosas et al., 2011).

Bursera linanoe (La Llave) Rzed., Calderón & Medina es una especie arbórea de gran importancia cultural, ecológica y económica. Sin embargo, sus poblaciones se han

sometido a un aprovechamiento intenso asociado a la extracción de aceite esencial y madera (Cruz-Cruz et al., 2009; Hersch-Martínez et al., 2004; Medina-Tello et al., 2023). Aunque no está incluida en alguna categoría de riesgo en la NOM-059-SEMARNAT-2010 (Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales [Semarnat], 2010), la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN) la clasifica como vulnerable (VU) debido a su distribución restringida y a la fragmentación de su hábitat (Fuentes et al., 2019).

La pérdida de continuidad ecológica entre fragmentos donde persiste *B. linanoe* reduce el intercambio genético y puede conducir a diferenciación, endogamia o extinción local (Cushman et al., 2012; Epps & Keyghobadi, 2015). Al respecto, evaluar la conectividad genética a escala regional entre poblaciones de esta especie resulta fundamental para comprender cómo la configuración del paisaje influye en el flujo génico y la viabilidad de las poblaciones a largo plazo. La integración de herramientas moleculares con modelos espaciales permite identificar barreras al flujo génico, inferir rutas de dispersión y detectar estructuras genéticas asociadas al paisaje (Manel et al., 2003; Storfer et al., 2007).

En especies con dispersión zoócora como *B. linanoe*, la conectividad funcional depende no solo de la distancia entre fragmentos, sino también de la permeabilidad del paisaje y la movilidad de sus dispersores (Cordeiro & Howe, 2003; McRae & Beier, 2007). Evaluar la distribución de esos dispersores puede aportar información clave sobre la probabilidad de intercambio genético en paisajes fragmentados, ya que su movilidad favorece el transporte de semillas entre fragmentos de hábitat y contribuye al mantenimiento del flujo génico intrapoblacional en poblaciones espacialmente aisladas.

Por lo tanto, este estudio tuvo como objetivo analizar la estructura genética, evaluar la conectividad de las poblaciones de *Bursera linanoe* en el centro-sur de México mediante un enfoque de genética del paisaje que integra análisis moleculares y modelación espacial, con el fin de proporcionar elementos para el diseño de estrategias de conservación orientadas a preservar la diversidad genética regional y proteger los hábitats que favorecen la dispersión de semillas entre poblaciones

Materiales y Métodos

Extracción de ADN y análisis ISSR

Se recolectaron hojas de *Bursera linanoe* en cuatro poblaciones del centro-sur de México: Atenango del Río, Guerrero ($n=36$), Tlalquilténango, Morelos ($n=21$), Santa María Tecomavaca, Oaxaca ($n=21$) y San Juan Bautista Cuicatlán, Oaxaca ($n=14$). La extracción de ADN genómico se realizó mediante una versión modificada del protocolo CTAB (bromuro de cetiltrimetilamonio) (Doyle & Doyle, 1987; Saghai-Maroo et al., 1984), previamente optimizada para la especie. Las condiciones de amplificación, visualización y codificación de bandas siguieron los protocolos descritos por Coppi et al. (2010), Cruz-Larios et al. (2024) y Dos Santos-Araújo et al. (2016). Los datos obtenidos se utilizaron para el análisis de estructura poblacional y conectividad genética.

Análisis de datos y estructura poblacional

Los perfiles ISSR (*Inter-Simple Sequence Repeats*) se codificaron como marcadores dominantes binarios. La estructura genética se evaluó mediante AMOVA jerárquico; se estimó la proporción de variación genética entre grupos (FCT), la proporción de variación genética entre poblaciones dentro de grupos (FSC) y la diferenciación genética total entre poblaciones (FST), con pruebas de permutación para determinar significancia. La diferenciación genética se exploró aplicando un Análisis de

componentes principales (PCA) implementado en *Adegenet* (R Core Team, 2024), para ello se utilizó una matriz de covarianza genética calculada a partir de los *loci* compartidos entre pares de individuos.

El aislamiento por distancia se evaluó con la prueba de *Mantel* (Mantel, 1967) entre las matrices de distancia genética y distancia geográfica. La estructura genética espacial se analizó con el paquete *TESS3R*, en el que se consideraron valores de *K* entre 1 y 10, con 20 repeticiones para cada valor de *K* (Caye et al., 2016). El número óptimo de grupos genéticos se determinó con el método de Evanno et al. (2005). Posteriormente, se obtuvieron los coeficientes de ancestría de cada individuo y se representaron gráficamente para visualizar los patrones de estructura genética, mezcla y diferenciación poblacional entre las localidades estudiadas. El flujo génico reciente se estimó con la función *divMigrate* del paquete *diveRsity* versión 4.6.0 (Keenan et al., 2013) y las relaciones de migración más relevantes entre poblaciones se representaron mediante una red de conectividad.

Modelación de la resistencia del paisaje

Se construyó un modelo de resistencia del paisaje a partir de la capa de uso del suelo y vegetación serie V y el modelo digital de elevación continuo mexicano, ambos del Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática (INEGI, 2015). Las coberturas de vegetación y la altitud se reclasificaron en categorías de resistencia con base en la dificultad de desplazamiento y en la distribución altitudinal conocida de la especie (Material suplementario: Cuadro S1 y Cuadro S2). Ambas capas se integraron en un ráster único, asignando a cada celda el valor máximo de resistencia. Con base en las coordenadas de las poblaciones, se calcularon distancias euclidianas y de resistencia como costos acumulados.

La relación entre diferenciación genética y variables espaciales se evaluó mediante modelos mixtos de pares poblacionales por máxima verosimilitud (MLPE; Van Strien et al., 2012). Los modelos se ajustaron en *lme4* (Bates et al., 2015) y se compararon mediante *AICc* con *MuMIn* (Barton, 2026). Además, se estimó el Coeficiente de determinación condicional (Nakagawa & Schielzeth, 2013) con la función *r.squaredGLMM*.

Modelación de distribución potencial de dispersores

Estudios realizados con especies del género *Bursera* en la cuenca del río Balsas han documentado que diversas aves de la familia Tyrannidae, particularmente de los géneros *Myiarchus*, *Tyrannus* y *Myiodynastes*, participan activamente en la remoción y dispersión de frutos (Almazán-Núñez et al., 2016; Rodríguez-Godínez et al., 2022). Con base en estos antecedentes, se evaluó el potencial de asociación espacial entre *Bursera linanoe* y las especies de Tyrannidae registradas en México, mediante la plataforma *SPECIES* de la Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad (Conabio) (Stephens et al., 2019). El análisis se fundamentó en la coincidencia espacial de registros de ocurrencia y de la superposición entre distribuciones potenciales. Dada la naturaleza del enfoque empleado, las asociaciones identificadas se interpretaron como hipótesis de interacción ecológica potencial y no como evidencia directa de dispersión efectiva o conectividad funcional (Material suplementario: Figura S1).

La distribución potencial de *B. linanoe* se estimó con registros de la *Global Biodiversity Information Facility* (GBIF, 2021) y observaciones de campo (Cruz-Larios, 2022), para ello se siguió el protocolo descrito por Escalona-Prado (2025) para un total de 176 puntos de ocurrencia (Material suplementario: Figura S2). La significancia de la correlación se evaluó mediante el parámetro ϵ y el porcentaje de ocurrencia por decil.

Las especies potenciales dispersoras se modelaron junto con *B. linanoe* en *Wallace* (Kass et al., 2018, 2023), a partir de 19 variables bioclimáticas de *WorldClim* (Fick & Hijmans, 2017) a 2.5 min de arco, con filtrado espacial de 5 km. Se consideraron distintas combinaciones de funciones de respuesta y multiplicadores de regularización, y se seleccionó el modelo con el menor valor del Criterio de información de *Akaike* (*AIC*).

Los resultados se transformaron a presencia/ausencia usando el percentil 10 de entrenamiento (Sage et al., 2017). Los mapas se generaron en *QGIS* v3.36.1 (QGIS Development Team, 2024) y las zonas de superposición se calcularon mediante álgebra de mapas con *raster* (Hijmans et al., 2026). Se asumió que una mayor superposición espacial entre la distribución potencial de *B. linanoe* y la de especies frugívoras incrementa la probabilidad de encuentros ecológicos y eventos de dispersión.

Resultados

Estructura poblacional

Los análisis revelaron una marcada estructuración genética entre las poblaciones de *Bursera linanoe* (Cuadro 1). El valor promedio de $F_{ST}=0.3059$ ($p<0.0001$) indica una diferenciación genética alta, que supera el umbral de 0.25 considerado por Wright (1978) como evidencia de una diferenciación muy alta entre poblaciones. De manera consistente, el AMOVA mostró que la mayor proporción de la variación genética se concentró entre poblaciones dentro de grupos ($F_{SC}=0.28-0.31$), mientras que la varianza entre grupos amplios (F_{CT}) fue baja o negativa en la mayoría de los esquemas evaluados, lo que sugiere una escasa estructuración genética regional. La

única excepción correspondió al esquema que separó a San Juan Bautista Cuicatlán (Oaxaca 2) del resto de las poblaciones, en la que se detectó una diferenciación significativa entre grupos ($FCT=0.079$; $p<0.0001$).

Cuadro 1. Resultados del AMOVA jerárquico en cuatro poblaciones de *Bursera linanoe* (La Llave) Rzed., Calderón & Medina bajo diferentes esquemas de agrupamiento.

	Agrupaciones			
	(Guerrero, Morelos, Oaxaca 1) vs. (Oaxaca 2)	(Guerrero, Morelos) vs. (Oaxaca 1 y 2)	(Guerrero, Oaxaca 1) vs. (Morelos, Oaxaca 2)	Guerrero vs. (Morelos, Oaxaca 1, Oaxaca 2)
<i>FSC</i>	0.28449	0.30869	0.30965	0.30663
<i>FST</i>	0.34134	0.30453	0.30402	0.30563
<i>FCT</i>	0.07945	-0.00600	-0.00816	-0.00143

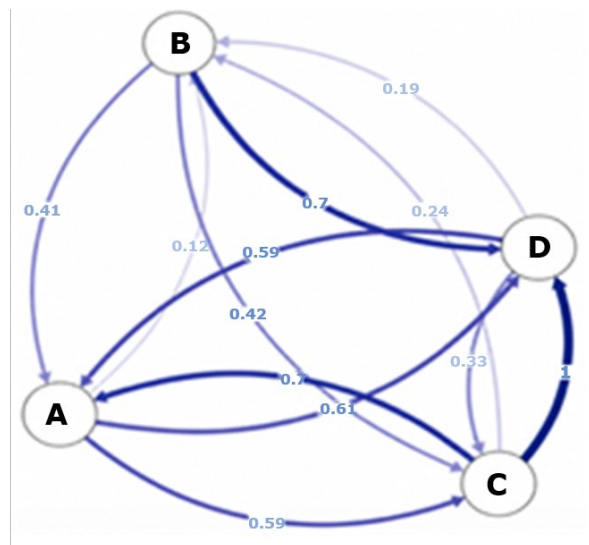
FSC = Proporción de variación genética entre poblaciones dentro de grupos; *FST* = Diferenciación genética total entre poblaciones; *FCT* = Proporción de variación genética entre grupos.

En concordancia con lo anterior, el Análisis de componentes principales (Material suplementario: Figura S3) mostró una agrupación parcial de los individuos según su población de origen, mientras que la prueba de aislamiento por distancia (Material suplementario: Figura S4) presentó una correlación positiva y significativa entre distancia geográfica y diferenciación genética.

La estimación del número óptimo de grupos (K) registró valores máximos para $K=3$ ($\Delta K=3.9612$) y $K=4$ ($\Delta K=2.4891$), lo que indicó la presencia de tres o cuatro agrupamientos genéticos principales entre los 92 individuos analizados. Estos resultados fueron congruentes con los patrones detectados mediante AMOVA y PCA, los cuales evidenciaron una diferenciación genética moderada y una estructuración espacial de las poblaciones. Asimismo, los análisis realizados con *TESS3R* evidenciaron patrones de agrupamiento consistentes; se identificaron tres conjuntos

geográficos principales correspondientes a Morelos, Guerrero y Oaxaca (Material suplementario: Figura S3 a Figura S6).

La red de migración relativa entre las cuatro poblaciones de *Bursera linanoe* presentó patrones contrastantes de conectividad genética (Figura 1). Los mayores valores de migración bidireccional se observaron entre Guerrero y Morelos (valores de migración relativa estimados: $Nm=0.7$) y entre Guerrero y Oaxaca 1 ($Nm=0.6-0.7$), lo que sugirió un intercambio génico relativamente alto entre estas poblaciones. Asimismo, se detectó un flujo importante desde las poblaciones Oaxaca 1 y Oaxaca 2 ($Nm=1.0$), que constituyó la conexión más intensa de la red. En contraste, las conexiones más débiles involucraron principalmente a Oaxaca 2 y Morelos, con valores de Nm inferiores a 0.2 en algunos sentidos del flujo.



Los nodos corresponden a los sitios de muestreo: A = Guerrero, B = Morelos, C = Oaxaca 1, D = Oaxaca 2.

Figura 1. Red de migración relativa entre cuatro poblaciones de *Bursera linanoe* (La Llave) Rzed., Calderón & Medina basada en valores de Nm .

En conjunto, estos resultados sugieren que Guerrero y Oaxaca 1 actúan como nodos relativamente bien conectados dentro de la red, mientras que Oaxaca 2 presenta una conectividad más dependiente de flujos provenientes de poblaciones vecinas.

Los valores altos de FST observados entre poblaciones indican una reducción del intercambio génico y una diferenciación genética considerable a escala regional. Este patrón es consistente con los valores de migración relativa estimados (Nm), los cuales mostraron una conectividad heterogénea entre localidades, con algunas conexiones fuertes y otras considerablemente restringidas. En particular, las poblaciones con menores valores de Nm tendieron a presentar una mayor diferenciación genética. Asimismo, los valores bajos o negativos de FCT obtenidos en la mayoría de los esquemas de agrupación indicaron que la variación genética se distribuyó principalmente entre poblaciones y no entre regiones amplias.

Modelación del paisaje de resistencia

A partir de la comparación de modelos mixtos poblacionales (MLPE) se determinó que la distancia geográfica euclidiana y la distancia de resistencia del paisaje presentaron un soporte estadístico similar para explicar la diferenciación genética entre poblaciones (Cuadro 2).

Cuadro 2. Comparación de modelos de genética del paisaje basados en modelos de efectos mixtos de máxima verosimilitud de efectos poblacionales.

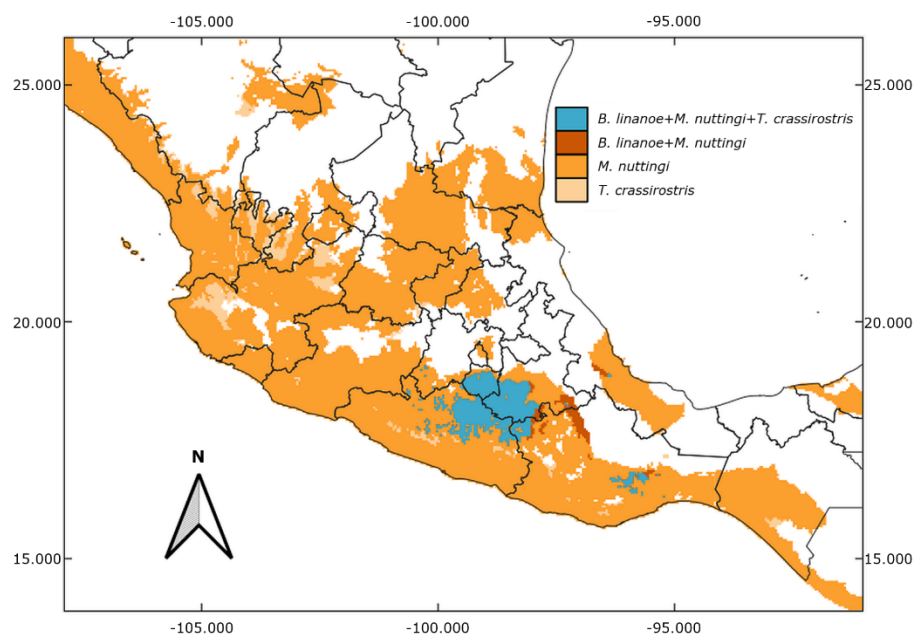
Variable del paisaje	K	$AICc$	$\Delta AICc$	R^2 condicional	w_i
Distancia de resistencia	2	-12.135	0.018	0.013	0.50
Distancia geográfica	2	-12.117	0.000	0.011	0.50

K = Número de parámetros; $AICc$ = Criterio de información de Akaike; $\Delta AICc$ = Diferencia de $AICc$; R^2 = Coeficiente de determinación condicional; w_i = Peso de Akaike.

Los valores de $AICc$ fueron prácticamente equivalentes ($\Delta AICc < 0.1$), lo cual indicó que los modelos basados en distancia geográfica y distancia de resistencia presentaron un soporte empírico indistinguible para explicar la diferenciación genética observada. Estos resultados sugieren que los patrones de flujo génico no se explican exclusivamente por la distancia geográfica, ni por la configuración del paisaje, sino por la interacción de ambos factores.

Modelación de distribución potencial de dispersores

Las interacciones potenciales más altas se registraron en *Myiarchus nuttingi* Ridgway ($\epsilon=8.37$; ocurrencia/decil=57.47 %), *Tyrannus crassirostris* Swainson ($\epsilon=8.16$; 47.83 %) y *Tyrannus melancholicus* Vieillot ($\epsilon=6.99$; 21.67 %). Sin embargo, *T. melancholicus* fue excluida por tener solo 14 registros en México (de 104 en GBIF, 2024a). Las especies *M. nuttingi* (GBIF, 2024b) y *T. crassirostris* (GBIF, 2024c) se incluyeron en los modelos de distribución potencial, contruidos con 176 registros para *Bursera linanoe*, 215 para *M. nuttingi* y 146 para *T. crassirostris* (Material suplementario: Cuadro S3). Ambas especies presentan distribuciones más amplias que *B. linanoe*, coexistiendo en la región de mayor extensión de esta última (Figura 2).



Los colores indican las áreas de distribución de cada especie y zonas de traslape.

Figura 2. Distribución geográfica de *Myiarchus nuttingi* Ridgway y *Tyrannus crassirostris* Swainson y su traslape con *Bursera linanoe* (La Llave) Rzed., Calderón & Medina en México.

Discusión

Agrupamiento genético y distribución espacial

El análisis de estructura genética evidenció una organización espacial consistente en *Bursera linanoe*, con agrupamientos concordantes con su procedencia geográfica. La estimación de *K* indicó tres unidades genéticas principales, agrupándolas en Morelos, Guerrero y Oaxaca. Debido a que los análisis de AMOVA, PCA y *TESS3R* respaldaron

principalmente la separación entre estas regiones geográficas, $K=3$ se consideró la más parsimoniosa para interpretar la estructura genética a escala regional. Ese patrón sugiere limitaciones en el flujo génico asociadas a la fragmentación del hábitat y barreras geográficas, de acuerdo con el aislamiento por distancia y lo documentado en especies con dispersión restringida (Hamrick et al., 1993). Asimismo, las poblaciones dentro de la cuenca del río Balsas comparten más alelos que aquellas separadas por obstáculos orográficos, ello evidencia un efecto del paisaje en la conectividad genética. Los resultados de *TESS3R* fueron congruentes al identificar patrones similares de agrupamiento genético y ancestría compartida entre las poblaciones analizadas.

La estructuración genética observada, también podría reflejar procesos históricos, además de mecanismos contemporáneos de dispersión. La hipótesis del Arco Pleistocénico propone una mayor conectividad entre los bosques tropicales secos durante el Último Máximo Glacial (Thomas et al., 2017), lo que pudo favorecer episodios históricos de intercambio genético entre poblaciones actualmente aisladas. La región de Cuicatlán, Oaxaca, considerada como refugio climático (Gámez et al., 2014), habría funcionado como reservorio de diversidad genética durante fluctuaciones climáticas pasadas, que contribuyen a los patrones actuales de diferenciación.

Finalmente, las diferencias en diversidad genética entre localidades resaltan la necesidad de implementar estrategias de conservación diferenciadas, que consideren cada población como un reservorio genético complementario. Sin embargo, estas explicaciones deben considerarse inferencias históricas indirectas, ya que no fueron evaluadas de manera explícita en este estudio.

Las diferencias observadas en diversidad genética entre localidades sugieren que las poblaciones han experimentado historias demográficas y niveles de conectividad distintos. Las poblaciones con menor intercambio génico pueden estar más expuestas a los efectos de la deriva genética, la pérdida de alelos raros y el incremento de la diferenciación genética; mientras que, aquellas con mayor conectividad tienen una mayor probabilidad de mantener variación mediante el flujo génico.

Flujo génico y conectividad entre poblaciones

El análisis de la red de migración genética evidenció una conectividad espacial heterogénea entre las cuatro poblaciones de *B. linanoe*. Las poblaciones centrales mostraron intercambios bidireccionales consistentes, lo que sugiere la existencia de corredores funcionales que facilitan el flujo génico entre localidades cercanas, en concordancia con lo documentado para especies del trópico seco (Arias et al., 2012). En contraste, se detectó un flujo génico asimétrico hacia la población periférica de San Juan Bautista Cuicatlán (Oaxaca 2), con una contribución predominante desde Santa María Tecomavaca (Oaxaca 1) y escaso flujo en sentido inverso. Este patrón es consistente con dinámicas fuente-sumidero en poblaciones marginales (Gilroy & Edwards, 2017). Las condiciones ecológicas locales, caracterizadas por mayor aridez, fragmentación y presencia de suelos calcáreos, podrían limitar el establecimiento y reducir su aporte genético regional.

Asimismo, la configuración del paisaje y el cambio de uso de suelo modulan la conectividad, al afectar el movimiento de dispersores y polinizadores (Sotelo-Caro et al., 2023). En este contexto, solo *Myiarchus nuttingi* extiende su distribución hacia el extremo oriental del área de *B. linanoe*, lo que sugiere un posible papel en la conectividad biológica entre poblaciones. La interacción entre dispersión biótica y estructura del paisaje probablemente determina la configuración actual del flujo génico.

Resistencia del paisaje

La similitud en el soporte estadístico entre los modelos basados en distancia geográfica y resistencia del paisaje sugiere que esta última modula, pero no determina, los patrones de flujo génico; posiblemente debido a la capacidad de los dispersores bióticos para atravesar coberturas contrastantes sin una pérdida marcada de conectividad funcional, como se ha documentado en especies tropicales (Schroeder et al., 2014). No obstante, este estudio incluye solo cuatro poblaciones, lo que limita el número de comparaciones pareadas y reduce el poder estadístico de los modelos de genética del paisaje. Se ha señalado que se requieren al menos de 8 a 10 poblaciones para detectar con mayor robustez efectos espaciales (Oyler-McCance et al., 2013), por lo que la ausencia de diferencias claras entre modelos debe interpretarse con cautela.

En conjunto, los resultados sugieren que, además de la distancia y la configuración del paisaje, factores ecológicos como los mecanismos de dispersión y las interacciones bióticas pueden desempeñar un papel determinante en la estructuración genética de *B. linanoe*.

Rol de los dispersores bióticos en la conectividad

Un componente clave es el papel de las aves frugívoras en la conectividad de *B. linanoe*. El análisis de co-ocurrencia identificó especies con alta afinidad espacial (Reyes-Ortiz et al., 2022), cuyos intervalos se traslapan con la especie focal y alcanzan poblaciones periféricas. En particular, *Myiarchus nuttingi* se extiende hacia el extremo oriental, lo que sugiere un papel como vector de conectividad. Esto concuerda con estudios que

señalan a *Myiarchus* y otros tiránidos como dispersores primarios de *Bursera* (Ortiz-Pulido & Rico-Gray, 2006). En *Bursera longipes* (Rose) Standl., especies de *Myiarchus* y *Tyrannus* dispersan semillas viables, lo cual facilita su transporte y establecimiento (Almazán-Núñez et al., 2016; Guzmán-Pozos et al., 2018).

La disminución de las poblaciones de aves frugívoras reduciría la conectividad genética entre poblaciones de *Bursera linanoe* y limitaría los procesos de regeneración natural, lo que resalta la importancia de incorporar las interacciones ecológicas y los procesos funcionales en las estrategias de conservación (Howe, 2016).

Implicaciones para la conservación

Los patrones de estructura genética, flujo génico diferenciado y dependencia de dispersores tienen implicaciones directas para la conservación de *Bursera linanoe*. La presencia de clústeres genéticos indica que las poblaciones de Morelos, Guerrero y Oaxaca constituyen unidades diferenciadas, por lo que deben evitarse reforestaciones con materiales de distinta procedencia (Bucharova et al., 2017). Se recomienda establecer unidades de manejo regionales que conserven la integridad genética y prevengan la pérdida de adaptaciones locales (Boshier et al., 2015), priorizando la conservación *in situ*. Las acciones de manejo podrían incluir la conservación de remanentes de vegetación, el establecimiento de cercas vivas (hileras de árboles y arbustos nativos en linderos agrícolas que funcionan como corredores biológicos), plantaciones de especies nativas y la coordinación interregional para mantener la conectividad del paisaje.

La dependencia de *B. linanoe* de aves frugívoras resalta la necesidad de un enfoque ecosistémico que integre, tanto las poblaciones arbóreas como el hábitat y la movilidad de sus dispersores, particularmente *Myiarchus nuttingi* y *Tyrannus crassirostris*.

Mantener estas interacciones es fundamental para la conectividad genética y la regeneración natural, priorizando enfoques que consideren procesos ecológicos como la dispersión de semillas, el movimiento de aves frugívoras y el mantenimiento de la conectividad funcional entre fragmentos de hábitat (Valiente-Banuet et al., 2015).

Conclusiones

La integración de datos moleculares, modelación espacial e información ecológica revela un patrón complejo de diferenciación y conectividad genética en *Bursera linanoe*. Los análisis muestran una diferenciación genética de moderada a alta entre poblaciones, a pesar de su relativa proximidad geográfica, lo que sugiere la influencia conjunta de procesos históricos, características del paisaje y limitaciones contemporáneas al flujo génico. Respecto a la estructura genética, se identifican tres agrupamientos principales asociados a las regiones de Morelos, Guerrero y Oaxaca, evidenciando una conectividad restringida entre regiones y una organización espacial consistente de la variación genética. Asimismo, se detecta un flujo génico asimétrico, con conectividad bidireccional entre poblaciones centrales y un flujo predominante hacia San Juan Bautista Cuicatlán, Oaxaca, lo que sugiere dinámicas de tipo fuente-sumidero.

Los modelos de genética del paisaje indican que la distancia geográfica y la resistencia del paisaje presentan una capacidad explicativa similar para los patrones observados de diferenciación genética. En conjunto, estos resultados apoyan la hipótesis de que la estructura genética de *B. linanoe* emerge de la interacción entre múltiples factores ecológicos e históricos, más que de un único mecanismo dominante.

Desde una perspectiva de conservación, la alta diversidad genética mantenida dentro de las poblaciones y la diferenciación observada entre regiones resaltan la importancia de conservar, tanto los reservorios locales de diversidad como los procesos que favorecen la conectividad funcional. La protección de remanentes de vegetación, la restauración

de corredores biológicos y la conservación de los agentes de dispersión contribuirían a mantener la viabilidad evolutiva de la especie a largo plazo.

Finalmente, se recomienda complementar estos resultados con estudios que validen de manera directa el papel de los dispersores en el mantenimiento de la conectividad genética, que incluyan el registro de eventos de dispersión de semillas, movimientos de fauna y su contribución efectiva al flujo génico. Asimismo, será importante evaluar posibles sesgos asociados a los registros de ocurrencia utilizados en los modelos de distribución y analizar su relación con los patrones de conectividad observados. La incorporación de poblaciones de *Bursera linanoe* del estado de Puebla constituye una prioridad para investigaciones futuras, ya que su ubicación geográfica intermedia entre las regiones centro y sur de la distribución de la especie podría favorecer la conectividad genética regional. La evaluación de su diversidad genética, estructura poblacional y patrones de flujo génico permitirá determinar su contribución al mantenimiento de la conectividad del paisaje y fortalecer las estrategias de conservación de esta especie endémica de México.

Agradecimientos

A la Secretaría de Ciencia, Humanidades, Tecnología e Innovación (Secihti) por el apoyo otorgado mediante la beca posdoctoral de la primera autora. Agradecemos al Instituto de Biología de la Universidad Nacional Autónoma de México y al Jardín Botánico por las facilidades otorgadas para el uso de sus instalaciones y recursos de investigación.

Conflicto de intereses

Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

Contribución por autor

Iris J. Cruz-Larios: análisis genéticos y espaciales, interpretación de resultados, elaboración de figuras y redacción del manuscrito; Alejandra C. Moreno-Letelier: concepción y dirección de la investigación, apoyo metodológico, interpretación de resultados y revisión crítica del manuscrito.

Referencias

- Almazán-Núñez, R. C., Eguiarte, L. E., Arizmendi, M. del C., & Corcuera, P. (2016). *Myiarchus* flycatchers are the primary seed dispersers of *Bursera longipes* in a Mexican dry forest. *PeerJ*, 4, Article e2126. <https://doi.org/10.7717/peerj.2126>
- Arias, D. M., Albarrán-Lara, A. L., González-Rodríguez, A., Peñaloza-Ramírez, J., Dorado, O., & Leyva, E. (2012). Genetic diversity and structure of wild populations of the tropical dry forest tree *Jacaratia mexicana* (Brassicales: Caricaceae) at a local scale in Mexico. *Revista de Biología Tropical*, 60(1), 1-10. http://www.scielo.sa.cr/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0034-77442012000100001&lng=en&tlng=en
- Barton, K. (2026). *MuMIn: Multi-model inference* (R package version 1.47.5) [Software]. Comprehensive R Archive Network. <https://CRAN.R-project.org/package=MuMIn>
- Bates, D., Mächler, M., Bolker, B., & Walker, S. (2015). Fitting linear mixed-effects models using lme4. *Journal of Statistical Software*, 67(1), 1-48. <https://doi.org/10.18637/jss.v067.i01>
- Boshier, D., Broadhurst, L., Cornelius, J., Gallo, L., Koskela, J., Loo, J., Petrokofsky, G., & St. Clair, B. (2015). Is local best? Examining the evidence for local adaptation in trees and its scale. *Environmental Evidence*, 4, Article 20. <https://link.springer.com/article/10.1186/s13750-015-0046-3#citeas>

- Bucharova, A., Durka, W., Hölzel, N., Kollmann, J., Michalski, S., & Bossdorf, O. (2017). Are local plants the best for ecosystem restoration? It depends on how you analyze the data. *Ecology and Evolution*, 7(24), 10683-10689. <https://doi.org/10.1002/ece3.3585>
- Caye, K., Deist, T. M., Martins, H., Michel, O., & François, O. (2016). TESS3: Fast inference of spatial population structure and genome scans for selection. *Molecular Ecology Resources*, 16(2), 540-548. <https://doi.org/10.1111/1755-0998.12471>
- Coppi, A., Cecchi, L., Selvi, F., & Raffaelli, M. (2010). The frankincense tree (*Boswellia sacra*, Burseraceae) from Oman: ITS and ISSR analyses of genetic diversity and implications for conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 57, 1041-1052. <https://doi.org/10.1007/s10722-010-9546-8>
- Cordeiro, N. J., & Howe, H. F. (2003). Forest fragmentation severs mutualism between seed dispersers and an endemic African tree. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 100(24), 14052-14056. <https://doi.org/10.1073/pnas.2331023100>
- Cruz-Cruz, E., Mariles-Flores, V., Solares-Arenas, F., Gómez-Cárdenas, M., Serrano-Altamirano, V., Ayerde-Lozada, D., Fuentes-López, M. E., Castellanos-Bolaños, J. F., Orozco-Cirilo, S., Vargas-Álvarez, D., & Borja-de la Rosa, A. (2009). Adaptación ecológica y climática de linaloe (*Bursera linanoe*) (La Llave) Rzedowski, Calderón & Medina). En E. Cruz-Cruz, V. Mariles-Flores, M. Gómez-Cárdenas & D. Vargas-Álvarez (Comps.), *Fundamentos técnicos para el manejo de poblaciones naturales de linaloe (Bursera linanoe (La llave) Rzedowski, Calderon & Medina) en México* (Libro Técnico Núm. 14, pp. 1-31). Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. https://www.researchgate.net/profile/Martin-Cardenas-5/publication/369657169_Fundamentos_Tecnicos_para_el_Manejo_de_Poblaciones_Naturales_de_Linaloe_Bursera_linanoe_La_Llave_Rzedowski_Calderon_Medina_en_Mexico/links/64265f5f66f8522c38e7b607/Fundamentos-Tecnicos-para-el-Manejo-de-Poblaciones-Naturales-de-Linaloe-Bursera-linanoe-La-Llave-Rzedowski-Calderon-Medina-en-Mexico.pdf

- Cruz-Larios, I. J. (2022). *Diversidad genética de lináloe (Bursera linanoe) y diversidad arbórea de ecosistemas donde se distribuye esta especie* [Tesis doctoral, Colegio de Postgraduados Campus Montecillo]. Repositorio Institucional del Colegio de Postgraduados. http://colposdigital.colpos.mx:8080/xmlui/bitstream/handle/10521/5056/Cruz_Larios_IJ_D_C_Ciencias_Forestales_2022.pdf?sequence=1&isAllowed=y
- Cruz-Larios, I. J., Ramírez-Herrera, C., Hernández-Rodríguez, M., Velasco-García, M. V., Cetina-Alcalá, V. M., & Valdez-Hernández, J. I. (2024). Diversidad genética de lináloe en poblaciones del bosque tropical caducifolio en México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 47(2), 191-198. <https://doi.org/10.35196/rfm.2024.2.191>
- Cushman, S. A., Shirk, A., & Landguth, E. L. (2012). Separating the effects of habitat area, fragmentation and matrix resistance on genetic differentiation in complex landscapes. *Landscape Ecology*, 27, 369-380. <https://doi.org/10.1007/s10980-011-9693-0>
- Dos Santos-Araújo, F., Vasconcelos-Pacheco, M., de Almeida-Vieira, F., dos Santos-Ferrari, C., Cardoso-Félix, F., & Teixeira-das Chagas, K. P. (2016). ISSR molecular markers for the study of the genetic diversity of *Mimosa caesalpiniaefolia* Benth. *Idesia*, 34(3), 47-52. <http://dx.doi.org/10.4067/S0718-34292016000300007>
- Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *Phytochemical Bulletin*, 19(1), 11-15. <https://worldveg.tind.io/record/33886>
- Epps, C. W., & Keyghobadi, N. (2015). Landscape genetics in a changing world: disentangling historical and contemporary influences and inferring change. *Molecular Ecology*, 24(24), 6021-6040. <https://doi.org/10.1111/mec.13454>
- Escalona-Prado, C. E. (2025). *Evaluación de la vulnerabilidad ecológica de Bursera linanoe (La Llave), mediante el modelado de nicho ecológico y análisis espacial* [Tesis de Maestría, Universidad Nacional Autónoma de México]. Repositorio Institucional de la Universidad Nacional Autónoma de México. <https://ru.dgb.unam.mx/items/2cf16e1b-7db6-4d8c-ac0b-e9457a0e28de>
- 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>

- Fick, S. E., & Hijmans, R. J. (2017). WorldClim 2: New 1-km spatial resolution climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 37(12), 4302-4315. <https://doi.org/10.1002/joc.5086>
- Fischer, J., & Lindenmayer, D. B. (2007). Landscape modification and habitat fragmentation: a synthesis. *Global Ecology and Biogeography*, 16(3), 265-280. <https://doi.org/10.1111/j.1466-8238.2007.00287.x>
- Fuentes, A. C. D., Samain, M. S., & Martínez-Salas, E. (2019). *Bursera linanoe* (The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T137373440A137376654). International Union for Conservation of Nature and Natural Resources. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-3.RLTS.T137373440A137376654.en>
- Gámez, N., Escalante, T., Espinosa, D., Eguiarte, L. E., & Morrone, J. J. (2014). Temporal dynamics of areas of endemism under climate change: a case study of Mexican *Bursera* (Burseraceae). *Journal of Biogeography*, 41(5), 871-881. <https://doi.org/10.1111/jbi.12249>
- Gilroy, J. J., & Edwards, D. P. (2017). Source-sink dynamics: a neglected problem for landscape-scale biodiversity conservation in the tropics. *Current Landscape Ecology Reports*, 2, 51-60. <https://doi.org/10.1007/s40823-017-0023-3>
- Global Biodiversity Information Facility. (2021, November 10). *Bursera linanoe* 524 occurrences downloaded. Global Core Biodata Resource. <https://doi.org/10.15468/dl.svy89w>
- Global Biodiversity Information Facility. (2024a, August 7). *Tyrannus melancholicus satrapa* 60 occurrences downloaded. Global Core Biodata Resource. <https://doi.org/10.15468/dl.fv7dpp>
- Global Biodiversity Information Facility. (2024b, August 7). *Myiarchus nuttingi* 264 occurrences downloaded. Global Core Biodata Resource. <https://doi.org/10.15468/dl.36ndfs>
- Global Biodiversity Information Facility. (2024c, August 7). *Tyrannus crassirostris* 73 occurrences downloaded. Global Core Biodata Resource. <https://doi.org/10.15468/dl.b8nfwy>

- Guzmán-Pozos, A. M., Ramírez-Herrera, C., Aldrete, A., & Cruz-Cruz, E. (2018). Germinación y emergencia de *Bursera linanoe* (La Llave) Rzedowski, Calderón & Medina. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 41(2), 107-115. <https://doi.org/10.35196/rfm.2018.2.107-115>
- Hamrick, J. L., Murawski, D. A., & Nason, J. D. (1993). The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations. *Vegetatio*, 107, 281-297. <https://doi.org/10.1007/BF00052230>
- Hersch-Martínez, P., Glass, R., & Fierro-Álvarez, A. (2004). Linaloe [*Bursera aloexylon* (Schiede) Engl.]: An aromatic wood caught between tradition and economic pressure. In M. N. Alexiades & P. Shanley (Eds.), *Forest products, livelihoods and conservation: case studies of non-timber forest product systems* (pp. 413-436). Center for International Forestry Research. <https://www.jstor.org/stable/resrep02086.27>
- Hijmans, R. J., Barbosa, M., Ghosh, A., & Mandel, A. (2026, April 11). *Geodata: Access Geographic Data* (Version 0.6-9) [Software]. Comprehensive R Archive Network. <https://doi.org/10.32614/CRAN.package.geodata>
- Howe, H. F. (2016). Making dispersal syndromes and networks useful in tropical conservation and restoration. *Global Ecology and Conservation*, 6, 152-178. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2016.03.002>
- Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática. (2015). *Información de la Carta de Uso del Suelo y Vegetación a escala 1:250 000 (USYV)*. Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática. <https://www.inegi.org.mx/programas/usyv/#descargas>
- Kass, J. M., Pinilla-Buitrago, G. E., Paz, A., Johnson, B. A., Grisales-Betancur, V., Meenan, S. I., Attali, D., Broennimann, O., Galante, P. J., Maitner, B. S., Owens, H. L., Varela, S., Aiello-Lammens, M. E., Merow, C., Blair, M. E., & Anderson, R. P. (2023). Wallace 2: A Shiny app for modeling species niches and distributions redesigned to facilitate expansion via module contributions. *Ecography*, 2023(3), Article e06547. <https://doi.org/10.1111/ecog.06547>
- Kass, J. M., Vilela, B., Aiello-Lammens, M. E., Muscarella, R., Merow, C., & Anderson, R. P. (2018). WALLACE: A flexible platform for reproducible modeling of species niches and distributions built for community expansion. *Methods in Ecology and Evolution*, 9(4), 1151-1156. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12945>

- Keenan, K., McGinnity, P., Cross, T. F., Crozier, W. W., & Prodöhl, P. A. (2013). diveRsity: An R package for the estimation and exploration of population genetics parameters and their associated errors. *Methods in Ecology and Evolution*, 4(8), 782-788. <https://doi.org/10.1111/2041-210X.12067>
- Manel, S., Schwartz, M. K., Luikart, G., & Taberlet, P. (2003). Landscape genetics: Combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology & Evolution*, 18(4), 189-197. <https://research.fs.usda.gov/download/treesearch/30816.pdf>
- Mantel, N. (1967). The detection of disease clustering and a generalized regression approach. *Cancer Research*, 27(2), 209-220. https://aacrjournals.org/cancerres/article/27/2_Part_1/209/476508/The-Detection-of-Disease-Clustering-and-a
- McRae, B. H., & Beier, P. (2007). Circuit theory predicts gene flow in plant and animal populations. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 104(50), 19885-19890. <https://doi.org/10.1073/pnas.0706568104>
- Medina-Tello, C., Gómez-Cárdenas, M., Castellanos-Bolaños, J. F., Cruz-Cruz, E., Aparicio-López, M., & Bautista-Bautista, G. (2023). Registro histórico de la problemática de la repoblación natural del linaloe *Bursera linanoe* (La Llave) Rzedowski, Calderón & Medina. *e-CUCBA*, 10(19), 243-251. <https://doi.org/10.32870/ecucba.vi19.283>
- Mesa-Sierra, N., de la Peña-Domene, M., Campo, J., & Giardina, C. P. (2022). Restoring mexican tropical dry forests: A national review. *Sustainability*, 14(7), Article 3937. <https://doi.org/10.3390/su14073937>
- Miles, L., Newton, A. C., DeFries, R. S., Ravilious, C., May, I., Blyth, S., Kapos, V., & Gordon, J. E. (2006). A global overview of the conservation status of tropical dry forests. *Journal of Biogeography*, 33(3), 491-505. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2699.2005.01424.x>
- Nakagawa, S., & Schielzeth, H. (2013). A general and simple method for obtaining R^2 from generalized linear mixed-effects models. *Methods in Ecology and Evolution*, 4(2), 133-142. <https://doi.org/10.1111/j.2041-210x.2012.00261.x>

- Ortiz-Pulido, R., & Rico-Gray, V. (2006). Seed dispersal of *Bursera fagaroides* (Burseraceae): The effect of linking environmental factors. *The Southwestern Naturalist*, 51(1), 11-21. [https://doi.org/10.1894/0038-4909\(2006\)51\[11:SDOBFB\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1894/0038-4909(2006)51[11:SDOBFB]2.0.CO;2)
- Oyler-McCance, S. J., Fedy, B. C., & Landguth, E. L. (2013). Sample design effects in landscape genetics. *Conservation Genetics*, 14, 275-285. <https://doi.org/10.1007/s10592-012-0415-1>
- Portillo-Quintero, C. A., & Sánchez-Azofeifa, G. A. (2010). Extent and conservation of tropical dry forests in the Americas. *Biological Conservation*, 143(1), 144-155. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2009.09.020>
- QGIS Development Team. (2024). *QGIS Geographic Information System* (version v3.36.1) [Software]. Open-Source Geospatial Foundation. <https://qgis.org/>
- R Core Team. (2024). *R: A language and environment for statistical computing* (Version 4.6.0) [Software]. R Foundation for Statistical Computing. <https://www.r-project.org/>
- Reyes-Ortiz, J. L., Octavio-Aguilar, P., López-Mata, L., & Sánchez-González, A. (2022). Diversity and genetic structure of *Dicksonia navarrensis* (Dicksoniaceae) populations in the Mexican Sierra Madre Oriental. *Tropical Conservation Science*, 15, 1-11. <https://doi.org/10.1177/19400829221128539>
- Rodríguez-Godínez, R., Sánchez-González, L. A., Arizmendi, M. del C., & Almazán-Núñez, R. C. (2022). *Bursera* fruit traits as drivers of fruit removal by flycatchers. *Acta Oecologica*, 114, Article 103811. <https://doi.org/10.1016/j.actao.2022.103811>
- Rosas, F., Quesada, M., Lobo, J. A., & Sork, V. L. (2011). Effects of habitat fragmentation on pollen flow and genetic diversity of the endangered tropical tree *Swietenia humilis* (Meliaceae). *Biological Conservation*, 144(12), 3082-3088. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2011.10.003>
- Sage, K. M., Johnson, T. L., Teglas, M. B., Nieto, N. C., & Schwan, T. G. (2017). Ecological niche modeling and distribution of *Ornithodoros hermsi* associated with tick-borne relapsing fever in western North America. *PLoS Neglected Tropical Diseases*, 11(10), Article e0006047. <https://doi.org/10.1371/journal.pntd.0006047>
- Saghai-Marooft, M. A., Soliman, K. M., Jorgensen, R. A., & Allard, R. W. (1984). Ribosomal DNA spacer-length polymorphisms in barley: mendelian inheritance,

chromosomal location, and population dynamics. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 81(24), 8014-8018. <https://doi.org/10.1073/pnas.81.24.8014>

Schroeder, J. W., Tran, H. T., & Dick, C. W. (2014). Fine scale spatial genetic structure in *Pouteria reticulata* (Engl.) Eyma (Sapotaceae), a dioecious, vertebrate dispersed tropical rain forest tree species. *Global Ecology and Conservation*, 1, 43-49. <https://doi.org/10.1016/j.gecco.2014.07.002>

Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. (2010). *NORMA Oficial Mexicana NOM-059-SEMARNAT-2010. Protección ambiental-Especies nativas de México de flora y fauna silvestres-Categorías de riesgo y especificaciones para su inclusión, exclusión o cambio-Lista de especies en riesgo*. Diario Oficial de la Federación. https://www.profepa.gob.mx/innovaportal/file/435/1/nom_059_semarnat_2010.pdf

Sotelo-Caro, O., Valencia-Díaz, S., Infante-Mata, D. M., Castillo-Campos, G., & Flores-Palacios, A. (2023). The effect of chronic disturbance on the woody plant diversity in a tropical dry forest of Central Mexico. *Flora*, 306, Article 152352. <https://doi.org/10.1016/j.flora.2023.152352>

Stephens, C. R., Sierra-Alcocer, R., González-Salazar, C., Barrios, J. M., Salazar-Carrillo, J. C., Robredo-Ezquivelzeta, E., & del Callejo-Canal, E. (2019). SPECIES: A platform for the exploration of ecological data. *Ecology and Evolution*, 9(4), 1638-1653. <https://doi.org/10.1002/ece3.4800>

Storfer, A., Murphy, M. A., Evans, J. S., Goldberg, C. S., Robinson, S., Spear, S. F., Dezzani, R., Delmelle, E., Vierling, L., & Waits, L. P. (2007). Putting the "landscape" in landscape genetics. *Heredity*, 98, 128-142. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800917>

Thomas, E., Gil-Tobón, C., Gutiérrez, J. P., Alcázar-Caicedo, C., Moscoso-Higueta, L. G., Becerra, L. A., Loo, J., & González, M. A. (2017). Genetic diversity of *Enterolobium cyclocarpum* in Colombian seasonally dry tropical forest: implications for conservation and restoration. *Biodiversity and Conservation*, 26, 825-842. <https://doi.org/10.1007/s10531-016-1274-8>

Trejo, I., & Dirzo, R. (2000). Deforestation of seasonally dry tropical forest: a national and local analysis in Mexico. *Biological Conservation*, 94(2), 133-142. [https://doi.org/10.1016/S0006-3207\(99\)00188-3](https://doi.org/10.1016/S0006-3207(99)00188-3)

Valiente-Banuet, A., Aizen, M. A., Alcántara, J. M., Arroyo, J., Cocucci, A., Galetti, M., García, M. B., García, D., Gómez, J. M., Jordano, P., Medel, R., Navarro, L., Obeso, J. R., Oviedo, R., Ramírez, N., Rey, P. J., Traveset, A., Verdú, M., & Zamora, R. (2015). Beyond species loss: the extinction of ecological interactions in a changing world. *Functional Ecology*, 29, 299-307. <https://doi.org/10.1111/1365-2435.12356>

Van Strien, M. J., Keller, D., & Holderegger, R. (2012). A new analytical approach to landscape genetic modelling: Least-cost transect analysis and linear mixed models. *Molecular Ecology*, 21(16), 4010-4023. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2012.05687.x>

Wright, S. (1978). *Evolution and the genetics of populations. Volume 4: Variability within and among natural populations*. University of Chicago Press. <https://www.scirp.org/reference/referencespapers?referenceid=1966008>



Todos los textos publicados por la **Revista Mexicana de Ciencias Forestales** –sin excepción– se distribuyen amparados bajo la licencia *Creative Commons 4.0 Atribución-No Comercial (CC BY-NC 4.0 Internacional)*, que permite a terceros utilizar lo publicado siempre que mencionen la autoría del trabajo y a la primera publicación en esta revista.