



## ESTRUCTURA GENÉTICA DE POBLACIONES DE *Pinus cembroides* DE LA REGIÓN CENTRAL DE MÉXICO

### GENETIC STRUCTURE OF *Pinus cembroides* POPULATIONS FROM CENTRAL MEXICO

Sandra L. Fuentes-Amaro<sup>1</sup>, Juan P. Legaria-Solano<sup>1\*</sup> y Carlos Ramírez-Herrera<sup>2</sup>

<sup>1</sup>Universidad Autónoma Chapingo, Instituto de Horticultura, Departamento de Fitotecnia, Chapingo, Texoco, México. <sup>2</sup>Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Programa Forestal, Montecillo, Texcoco, México.

\*Autor para correspondencia (legarias.juan@yahoo.com)

#### RESUMEN

*Pinus cembroides* es el pino piñonero con la más amplia distribución e importancia económica y social en México. El objetivo del presente estudio fue evaluar los niveles y patrones de variación genética de ocho poblaciones de *P. cembroides* de la región central de México mediante marcadores ISSR (Inter-secuencias simples repetidas). Las poblaciones se distribuyen en dos provincias fisiográficas, la Sierra Madre Oriental y la Mesa del Centro. Los iniciadores utilizados generaron un total de 154 bandas, de las cuales 88.3 % fueron polimórficas a nivel de especie. La diversidad genética promedio en las poblaciones fue alta ( $H_e = 0.22$ ), el porcentaje de polimorfismo promedio fue 59.2 %. Los parámetros de diversidad genética fueron más altos en las poblaciones de la Sierra Madre Oriental. La mayor parte de la diversidad genética se encontró dentro de las poblaciones (74 %) y sólo el 26 % entre éstas. De acuerdo con el valor de  $G_{ST} = 0.28$ , existe alta diferenciación entre las poblaciones. El nivel de flujo génico, considerado como el número de individuos migrantes, fue bajo ( $N_m = 1.27$ ) entre las poblaciones en las dos regiones. Se encontró baja pero significativa correlación entre la distancia geográfica y la distancia genética de las poblaciones en las dos regiones.

**Palabras clave:** Distancia genética, iniciadores, flujo génico, marcadores, polimorfismo.

#### SUMMARY

*Pinus cembroides* is the pinyon pine with the widest distribution and the greatest economic and social importance in México. The objective of this study was to evaluate the levels and patterns of genetic variation of eight populations of *P. cembroides* from the central region of Mexico by using ISSR (Inter-simple sequence repeat) markers. The populations are distributed in two physiographic provinces, the Sierra Madre Oriental and the Central Plateau. The primers used generated a total of 154 bands, of which 88.3 % were polymorphic, at the level of species. The average genetic diversity in the population was high ( $H_e = 0.22$ ), the average polymorphism percentage was 59.2 %. The parameters of genetic diversity were higher in the populations of the Sierra Madre Oriental. Most of the genetic diversity was found within the populations (74 %) and only 26 % among them. According to the value of  $G_{ST} = 0.28$ , there is high differentiation between populations. The gene flow level, considered as the number of migrating individuals, was low ( $N_m = 1.27$ ) between the population in the two regions. A low, yet significant correlation was found between the geographical distance and the genetic distance of populations in the two regions.

**Index words:** Genetic distance, primers, gene flow, markers, polymorphism.