

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS

ESCUELA ACADEMICO PROFESIONAL DE INGENIERIA
FORESTAL Y MEDIO AMBIENTE



Identificación molecular de las especies del género *Bursera* en el área de
la concesión forestal - UNTUMBES

Tesis para optar el título profesional de Ingeniero Forestal y Medio
Ambiental

Autor:

Br. Sorroza Sanjinez Aarom Mac Klein

Tumbes, 2026

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS

ESCUELA ACADEMICO PROFESIONAL DE INGENIERIA
FORESTAL Y MEDIO AMBIENTE



Identificación molecular de las especies del género *Bursera* en el área de
la concesión forestal - UNTUMBES

Tesis aprobada en forma y estilo por:

Dr. Herrera Palacios Eber Leopoldo (Presidente)

Mg. Feijoo Carrillo Joel (Secretario)

Dr. Puescas Chully Miguel Antonio (Vocal)

Tumbes, 2026

UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES

FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS

ESCUELA ACADEMICO PROFESIONAL DE INGENIERIA
FORESTAL Y MEDIO AMBIENTE



Identificación molecular de las especies del género *Bursera* en el área de
la concesión forestal - UNTUMBES

Los suscritos declaramos que la tesis es original en su contenido y forma

Br. Sorroza Sanjinez, Aarom Mac Klein (Autor)

Dr. Puescas Chully, Miguel Antonio

Mg. Suarez Peña, Erick Antonio

Tumbes, 2026

Acta de sustentación



UNIVERSIDAD NACIONAL DE TUMBES
FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS
EX FUNDO FISCAL LA CRUZ-CAMPUS UNIVERSITARIO
SECRETARIA ACADÉMICA



"Año de la Esperanza y el Fortalecimiento de la Democracia"

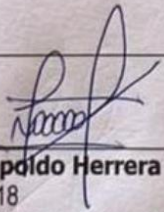
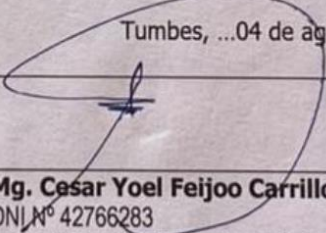
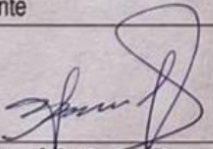
ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS PRESENCIAL

En Tumbes, a los cuatros días del mes de agosto de dos mil veintiséis, siendo las... DIECISEIS... horas, con... CINCO ... minutos, de la ... TARDE..., de forma presencial en el aula F1, Pabellón de la EIFMA. se reunieron el Jurado Calificador, designado por Resolución N° 0103-2023/UNTUMBES-VRACAD-FCA-D, **Dr. Eber Leopoldo Herrera Palacios** (Presidente), **Mg. Cesar Yoel Feijoo Carrillo** (Secretario), **Dr. Miguel Antonio Puescas Chully** (Vocal), reconociendo en la misma resolución además, al **Dr. Miguel Antonio Puescas Chully**, como **Asesor**, y al **Mg. Erick Antonio Suarez Peña**, como **Co-asesor**, se procedió a evaluar, calificar y deliberar la sustentación de la tesis, "**Identificación molecular de las especies del género Bursera en el área de la concesión forestal - UNTUMBES**"; para optar el Título Profesional de Ingeniero Forestal y Medio Ambiente, presentado por el **Bach. Aarom Mac Klein Sorroza Sanjinez**, Concluida la sustentación y absueltas las preguntas, por parte del sustentante y después de la deliberación, el jurado según el artículo N° 75 del Reglamento de Tesis para Pregrado y Posgrado de la Universidad Nacional de Tumbes, declara al: **Bach. AAROM MAC KLEIN SORROZA SANJINEZ**...APROBADO..., por...UNANIMIDAD..., con el calificativo ...BUENO...,

Se hace conocer al sustentante, que deberá levantar las observaciones finales hechas al informe final de tesis, que el jurado le indica.

En consecuencia, queda...APTO... para continuar con los trámites correspondientes a la obtención del Título Profesional de Ingeniero Forestal y Medio Ambiente, de conformidad con lo estipulado en la Ley Universitaria N° 30220, el Estatuto, Reglamento General, Reglamento General de Grados y Títulos y Reglamento de Tesis de la Universidad Nacional de Tumbes. Siendo las ...DIECINUEVE... horas y ...QUINCE.... minutos del mismo día, se dio por concluida la ceremonia académica, procediendo a firmar el acta en presencia del público asistente.

Tumbes, ...04 de agosto de 2026...

	
Dr. Eber Leopoldo Herrera Palacios DNI N° 42450218 CODIGO ORCID: 0000-0002-7255-9087 Presidente	Mg. Cesar Yoel Feijoo Carrillo DNI N° 42766283 CODIGO ORCID: 0009-0007-6197-123X Secretario
	
Dr. Miguel Antonio Puescas Chully DNI N° 02660522 CODIGO ORCID 0000-00031979-9572 Vocal	

C.C. - JURADOS (03) -ASESOR Y(CO)-INTERESADO-ARCHIVO (Decanato)
S.acad.

Informe de originalidad



7% Similitud general

El total combinado de todas las coincidencias, incluidas las fuentes superpuestas, para ca...

Filtrado desde el informe

- Coincidencias menores (menos de 15 palabras)

Fuentes principales

- 5% Fuentes de Internet
- 2% Publicaciones
- 4% Trabajos entregados (trabajos del estudiante)

Fuentes principales

Las fuentes con el mayor número de coincidencias dentro de la entrega. Las fuentes superpuestas no se mostrarán.

1	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional de Tumbes on 2019-01-01	1%
2	Internet	www.cjascience.com	<1%
3	Internet	archive.org	<1%
4	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional de Tumbes on 2024-04-23	<1%
5	Trabajos del estudiante	Universidad Nacional de Tumbes on 2024-05-14	<1%
6	Internet	patents.google.com	<1%
7	Trabajos del estudiante	Universidad de las Islas Baleares on 2025-06-11	<1%
8	Internet	helvia.uco.es	<1%
9	Internet	www.researchgate.net	<1%
10	Trabajos del estudiante	Instituto Politécnico Nacional on 2025-12-03	<1%
11	Internet	link.springer.com	<1%



12

Internet

docplayer.es

<1%

Dedicatoria

La presente tesis se dedica a mi familia, por su apoyo, dedicación y esfuerzo, así como por constituir una fuente de motivación fundamental en mi vida. Asimismo, se dedica a Dios, por permitirme culminar con éxito mis estudios de manera satisfactoria. De manera especial, a mi madre, por su apoyo incondicional, dedicación y sacrificio permanente.

Agradecimiento

A la Universidad Nacional de Tumbes, por brindarme la oportunidad de desarrollar el presente proyecto de tesis en el área de la concesión forestal.

Al Dr. Miguel Puescas Chully, por el asesoramiento brindado durante la elaboración, ejecución y redacción de la presente investigación, así como por los conocimientos compartidos a lo largo de mi formación profesional.

Al Mg. Erick Suárez Peña, por su valioso apoyo durante el desarrollo de la investigación, especialmente en el análisis e interpretación de los resultados moleculares, así como por sus aportes técnicos y orientación que contribuyeron al fortalecimiento del presente estudio.

Al proyecto Canon “*Microencapsulamiento de aceite esencial de Palo Santo (Bursera graveolens) obtenido por microondas en quitosano y colágeno derivado de biomasa residual para su aplicación sobre microorganismos que afectan especies de árboles del bosque seco en el norte del país*” por la ayuda y disponibilidad de laboratorios.

Índice de contenido

Resumen	xiii
Abstract	xiv
I. Introducción	15
II. Revisión de literatura	18
III. Materiales y Métodos.....	22
3.1. Tipo de estudio	22
3.2. Zona de estudio	22
3.3. Hipótesis.....	23
3.4. Recolección de muestras.....	23
3.5. Extracción de ADN genómico	23
3.6. Amplificación de genes	24
3.7. Validación de la extracción genómica.....	24
3.8. Secuenciación y análisis filogenético.....	24
3.9. Análisis de resultados	25
IV. Resultados y discusiones	26
4.1. Extracción de muestras	26
4.2. Identificación molecular	27
4.3. Árbol filogenético	31
V. Conclusiones	32
VI. Recomendaciones	33
VII. Referencias bibliográficas.....	34
Anexo	44

Índice de tablas

Tabla 1. Datos de campo de las muestras de <i>Bursera graveolens</i> colectadas.	26
Tabla 2. Resultados del análisis de identificación molecular de las muestras del género <i>Bursera</i>	28

Índice de figuras

Figura 1. Mapa de área y perímetro del TEI – FFS – EBS de la UNTUMBES.	22
Figura 2. Distribución de las muestras de <i>Bursera graveolens</i> colectadas.	27
Figura 3. Electroforesis de las muestras colectadas.....	30
Figura 4. Reconstrucción filogenética de especies de <i>Bursera</i>	31

Índice de anexos

Anexo 1. Informe de identificación taxonómica	45
Anexo 2. Informe de resultados de identificación molecular.....	46
Anexo 3. Panel fotográfico.	55

Resumen

Los bosques secos del norte del Perú constituyen ecosistemas de alta biodiversidad que enfrentan procesos de degradación asociados a actividades antrópicas, lo que compromete la conservación de estas especies. No obstante, se tuvo como objetivo identificar la diversidad genética de las especies del género *Bursera* en la zona de vida matorral desértico del área de la concesión forestal de la UNTUMBES. El estudio se desarrolló bajo un enfoque cuantitativo, de tipo básico y de nivel descriptivo, mediante la observación de variables en contexto natural. Se recolectaron seis muestras de individuos del género *Bursera* de una edad adul, a partir de las cuales se obtuvo material foliar para el análisis molecular. La extracción de ADN genómico se realizó mediante un protocolo adaptado, seguido de la amplificación del gen matK mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Los productos amplificados fueron secuenciados y comparados con bases de datos del NCBI utilizando el algoritmo BLASTn. Asimismo, se realizó un análisis filogenético mediante el método Neighbor-Joining con el modelo de Máximo Composite Likelihood, evaluando la confiabilidad de los clados mediante bootstrap. Los resultados evidenciaron que dos de las muestras analizadas presentaron una identidad del 98.17 % y cobertura del 100 % con secuencias de referencia de *Bursera tormentosa*, lo que indica una alta similitud genética. Sin embargo, la identificación morfológica de campo las clasificó como *Bursera graveolens*, lo que sugiere limitaciones en la resolución del marcador matK y posibles relaciones filogenéticas estrechas dentro del género. El análisis filogenético mostró baja divergencia genética entre los taxones evaluados y la formación de clados con especies cercanas. Se concluye que el análisis molecular permitió identificar la diversidad genética del género *Bursera* en el área de estudio, aunque la delimitación a nivel de especie presenta limitaciones, lo que evidencia la necesidad de emplear múltiples marcadores moleculares en futuras investigaciones.

Palabras clave: *Bursera*, diversidad genética, matK, filogenia, código de barras de ADN, bosque seco tropical.

Abstract

Tropical dry forests in northern Peru are ecosystems with high biodiversity that face degradation processes associated with human activities, which compromise the conservation of forest species. In this context, the objective of this study was to identify the genetic diversity of species belonging to the genus *Bursera* in the desert scrub life zone of the forest concession area of UNTUMBES. The study was conducted under a quantitative, basic, and descriptive approach, without manipulation of variables. Six samples of *Bursera* individuals were collected, from which leaf material was obtained for molecular analysis. Genomic DNA extraction was carried out using an adapted protocol, followed by amplification of the matK gene through polymerase chain reaction (PCR). The amplified products were sequenced and compared with the NCBI database using the BLASTn algorithm. In addition, a phylogenetic analysis was performed using the Neighbor-Joining method with the Maximum Composite Likelihood model, and clade reliability was assessed through bootstrap analysis. The results showed that two of the analyzed samples exhibited 98.17% identity and 100% coverage with reference sequences of *Bursera tormentosa*, indicating high genetic similarity. However, field-based morphological identification classified these samples as *Bursera graveolens*, suggesting limitations in the resolution of the matK marker and the existence of close phylogenetic relationships within the genus. The phylogenetic analysis revealed low genetic divergence among the evaluated taxa and the formation of clades with closely related species. It is concluded that molecular analysis allowed the characterization of the genetic diversity of the genus *Bursera* in the study area; however, species-level delimitation remains limited, highlighting the need to employ multiple molecular markers in future research.

Keywords: *Bursera*, genetic diversity, matK, phylogeny, DNA barcoding, tropical dry forest.

I. Introducción

En Sudamérica, el Perú es el segundo país con mayor cobertura forestal después de Brasil (Salas López et al., 2014). No obstante, las acciones antrópicas, como la tala, la actividad ganadera y la agricultura migratoria, degradan notablemente estos bosques (SERFOR, 2019).

Las crecientes degradaciones de los bosques constituyen uno de los problemas más destacados del país (Horna Oliva, 2022). Esta situación genera preocupación en el ámbito académico, en lo social y de interés en los gobiernos, los cuales han propuesto diversas medidas para su solución. Sin embargo, dichos esfuerzos han resultado no satisfactorios, por lo que el estado del patrimonio forestal nacional se torna cada vez más frágil, influenciado por los procesos de cambio climático y con previsibles consecuencias ambientales severas (Dourojeanni et al., 2021).

En la región costa del Perú se encuentra el Bosque Seco del Noroeste, que abarca más de 3 millones de hectáreas (Cerrón et al., 2019). Este ecosistema corresponde a una vegetación densa o semidensa que se extiende en los departamentos de Tumbes, Piura, Lambayeque, La Libertad y algunos sectores de Cajamarca y Ayabaca, representando aproximadamente el 4.7 % de los bosques del Perú (Leal-Pinedo & Linares-Palomino, 2005).

Dentro del bosque seco, una de las especies predominantes es el “palo santo”, que presenta un alto valor económico (Carrión-Paladines et al., 2016). La distribución de *Bursera graveolens* se extiende desde México hasta Perú (Fon-Fay et al., 2019). En Tumbes, esta especie es reconocida principalmente por su uso tradicional como repelente de insectos; además, posee importancia ecológica, social, económica, cultural y religiosa, lo que la hace susceptible a la tala selectiva en diversas zonas rurales (Enciso, 2022).

Debido a su sobreexplotación y a la creciente pérdida del bosque seco por cambios en el uso de la tierra (Hernández-Oria, 2007), el 67 % de las especies del género *Bursera* se encuentran bajo alguna categoría de amenaza según la Lista Roja de la UICN (IUCN, 2019). Así mismo estas especies tienen un alto potencial para la restauración de bosques secos perturbados, debido a su capacidad de propagación asexual con esquejes (Bonfil-Sanders et al., 2008).

En el ámbito científico, los estudios genéticos sobre *Bursera* son escasos. En México se han desarrollado diversas investigaciones centradas principalmente en sus relaciones filogenéticas (Becerra, 2003; Becerra & Venable, 1999; Rosell et al., 2010; Weeks & Simpson, 2007), así como en filogeografía (Poelchau & Hamrick, 2013; Weeks & Tye, 2009), genética de poblaciones (Dunphy & Hamrick, 2007), hibridación interespecífica (Quintero Melecio et al., 2021; Weeks & Simpson, 2004) y desarrollo de marcadores moleculares con fines taxonómicos (Collins et al., 2016). Estos estudios han contribuido al ensamblaje y anotación del genoma en el género, facilitando la comprensión de los patrones de adaptación local, la diversidad genética y la dinámica de hibridación (Rico et al., 2022).

A nivel nacional, existen investigaciones genéticas en otros géneros forestales, como *Prosopis* (Castillo et al., 2021; Hughes et al., 2022) y *Cinchona* (Peña Yacila et al., 2021). Sin embargo, no se han identificado estudios genéticos enfocados en el género *Bursera*, lo que evidencia un vacío de conocimiento en el contexto peruano. En consecuencia, surge la necesidad de responder a la siguiente interrogante: ¿Cuál es la diversidad genética de las especies del género *Bursera* en la zona de vida matorral desértico del Taller de Enseñanza e Investigación Forestal y Fauna Silvestre del Ecosistema Bosque Seco (TEI – FFS – EBS) de la UNTUMBES?

En este contexto, la investigación adquiere relevancia científica, técnica y socioeconómica. Desde el punto de vista científico, permite generar información genética inexistente para el género *Bursera* en el país, contribuyendo al conocimiento de su diversidad y relaciones filogenéticas.

Desde el enfoque técnico, el uso de herramientas moleculares ofrece mayor precisión en la identificación de especies en comparación con métodos morfológicos tradicionales, lo que amplía su aplicabilidad a otros géneros forestales. Asimismo, desde una perspectiva socioeconómica, el estudio contribuye al incremento del valor de la especie y favorece a la población que realiza el aprovechamiento de este recurso.

La investigación se desarrolló en el TEI – FFS – EBS de la UNTUMBES, área caracterizada por la presencia de bosque seco ecuatorial clasificado como matorral desértico, con una extensión aproximada de 127.6284 hectáreas, donde habita el “palo santo” junto con otras especies de importancia económica para la población rural.

En función de lo expuesto, el propósito principal de la investigación fue identificar la diversidad genética de las especies del género *Bursera* en la zona de vida matorral desértico del TEI – FFS – EBS de la UNTUMBES.

II. Revisión de literatura

Los bosques cubren casi un tercio de la superficie terrestre de la Tierra (FAO, 2020). Los bosques secos tropicales son el segundo tipo de bosque más importante del mundo y representan aproximadamente el 42% del área de bosques tropicales y subtropicales (Raha et al., 2020). Las principales características de estos bosques son su caducifolia, un prolongado período seco que se extiende de 3 a 9 meses y poca precipitación anual de 250 a 2000 mm (Hasnat & Hossain, 2020).

Más de la mitad de los bosques se distribuyen en las Américas, con otras porciones en África, Eurasia, Australia y el Sudeste Asiático. Los bosques son únicos en la naturaleza y brindan refugio a una gran cantidad de especies endémicas y en peligro de extinción. Entre las especies de plantas leñosas, alrededor del 40% no se encuentran en ninguna parte del mundo (Siyum, 2020).

Los bosques secos son uno de los ecosistemas más amenazados, ampliamente convertidos en pastizales, bosques secundarios, sabanas o tierras de cultivo (Rivas et al., 2020). El futuro de los bosques secos ha despertado grandes preocupaciones (Olden et al., 2004). Esto se debe a que los bosques secos son altamente accesibles debido a sus convenientes condiciones topográficas y climáticas, lo que los convierte en objetivos fáciles para la homogeneización, lo que reduce la variabilidad genética tanto dentro de las especies como entre las poblaciones (Cueva Ortiz et al., 2019).

Palo Santo es un árbol nativo de América del Sur, particularmente encontrado en los países de Perú, Ecuador y Bolivia (Eduarte Saltos et al., 2022). El árbol es conocido por su madera fragante, que se ha utilizado durante siglos en prácticas espirituales y medicinales (Sánchez Anchundia, 2019).

El árbol puede crecer hasta una altura de 10 metros y tiene una corteza gruesa y rugosa de color gris-marrón (Alva Mejia, 2022). Las hojas del palo santo son compuestas y alternas, con 5-11 folíolos ovales o elípticos de aproximadamente 2 a 5 centímetros de largo. Las hojas son de color verde oscuro y tienen un aroma fuerte y agradable (Alva Mejia, 2022).

Las flores del palo santo son pequeñas, de color blanco o amarillo pálido y se agrupan en racimos en las axilas de las hojas. Los frutos son pequeñas drupas redondas de color rojo oscuro que contienen una semilla (Alva Mejia, 2022). La parte más conocida del palo santo es su madera, que se utiliza con fines medicinales y espirituales.

La madera del árbol de Palo Santo es de color marrón amarillento y se torna más aromática a medida que envejece (Manrique Enciso, 2022). Tiene un aroma dulce y amaderado que a menudo se describe como una mezcla de pino, menta y cítricos (Yautibug Naula & Zambrano Sánchez, 2019). El palo santo se quema comúnmente como incienso o se usa en rituales de manchado para purificar y limpiar un espacio (Alva Mejia, 2022).

Además de sus usos espirituales, también se cree que Palo Santo tiene propiedades medicinales. Se dice que tiene propiedades antiinflamatorias, antibacterianas y antivirales, y se ha utilizado para tratar una variedad de dolencias que incluyen resfriados, dolores de cabeza y estrés (Cañarte-Vélez & Ponce-Párraga, 2021).

Debido a su popularidad y uso generalizado, el árbol de Palo Santo ahora se considera en peligro de extinción en algunas regiones. Como resultado, se promueven cada vez más prácticas de cosecha sostenibles para proteger el árbol y garantizar su disponibilidad para las generaciones futuras (Manrique Enciso, 2022). El árbol palo santo perteneciente la familia *Burseraceae* se desarrolla en los bosques xerofíticos de la costa norte del Perú y sur del Ecuador (Puescas et al., 2022). En Perú, se ha identificado la especie *Bursera graveolens* (Yukawa et al., 2006).

Burseraceae es una familia de angiospermas del orden *Sapindales* y comprende alrededor de 18 géneros y 640 especies de árboles y arbustos resinosos aromáticos (Mabberley's, 2017). Esta familia se caracteriza por una corteza suave, escamosa y aromática y la presencia de conductos de resina en la corteza y las hojas (Dannaway, 2010).

Las resinas generalmente están compuestas de triterpenoides, lignanos y cumarinas no volátiles, junto con componentes volátiles, monoterpenoides y sesquiterpenoides, que forman los aceites esenciales (Sri Rama Murthy et al., 2016). Las *Burseraceae* se dividen en tres tribus: *Bursereae*, que incluye los géneros *Bursera*, *Boswellia* y *Commiphora*; *Canarieae*, con *Canarium*, *Dacryodes*, *Haplolobus*, *Santiria* y *Trattinnickia*; y *Protieae*, incluidos *Crepidospermum*, *Protium* y *Tetragastris* (Weeks et al., 2005).

El género *Bursera* comprende alrededor de 100 especies de árboles y arbustos aromáticos de hoja caduca distribuidos desde el sur de los Estados Unidos hasta Perú (Gigliarelli et al., 2015). Las especies de *Bursera* han desempeñado un papel destacado en la etnomedicina en todas sus áreas de distribución (Duke, 2008).

Las especies de *Bursera* producen oleorresinas y aceites esenciales que no solo sirven como mecanismo de defensa de las plantas contra la herbivoría y la infección, sino que también pueden atribuirse a un potencial medicinal de especies que pertenecen a este género, que incluyen antineoplásicas, antimicrobianas, antiinflamatorias y analgésicas (Sri Rama Murthy et al., 2016). Las resinas, conocidas como “copal”, se han quemado como incienso desde la época precolombina. Las resinas de *Bursera* también se usan para hacer ungüentos, tratar las picaduras de escorpiones, aliviar los síntomas del resfriado y como remedio para los dolores de cabeza (Peters et al., 2003).

Las especies de *Bursera* son muy resinosas y desprenden un olor característico a pino y limón al ocasionar una ruptura en una hoja o rama (Hernández-Rodríguez, et al., 2019). El aroma se debe a compuestos terpénicos altamente volátiles como α -pineno, β -felandreno, limoneno, careno, etc (Luján-hidalgo et al., 2012). El género cuenta con información taxonómica y se ha dividido en dos secciones que se distinguen por las

características de la corteza, entre otros rasgos relacionados (Becerra & Venable, 1999).

La sección *Bursera* comprende especies con troncos coloridos y corteza que se descama o “pela” (Johnson et al., 1992), mientras que las especies de la sección *Bullockia* tienen una corteza áspera que no se escama o “pela” como *Bursera* (Andrés-Hernández et al., 2012).

Los estudios taxonómicos en *Bursera* son difíciles, debido a que su colecta es limitada y las muestras colectadas de herbario presentan escasas flores y frutos (Castro & Torrecilla, 2013). Debido a esto, la taxonomía del género ha sido como base principal en las características morfológicas de la corteza externa, de la hoja y del fruto (Becerra & Venable, 1999).

Trabajos anteriores basados en secuencias de ADN evidencian la naturaleza monofilética de *Bursera* (Castro & Torrecilla, 2013). No obstante, Los estudios genéticos sobre *Bursera* son limitados, y en su mayoría de ellos predominan sus relaciones filogenéticas (Rosell et al., 2010), con solamente algunos ejemplos en la filogeografía según (Poelchau & Hamrick, 2013), así mismo la genética de poblaciones (Dunphy & Hamrick, 2007), hibridación interespecífica (Melecio et al., 2021) y descubrimiento de marcadores para aplicaciones taxonómicas (Collins et al., 2016).

En Perú las investigaciones de *Bursera* se enfocan en las características, actividad y rendimiento de su aceite (Castillo-Carrillo et al., 2022; Noel-Martinez et al., 2021; Puentes et al., 2022). Por otro lado, hay investigaciones de diversidad genética en otros géneros forestales como el caso del género *Cinchona* donde en la investigación de Peña Yacila et al. (2021) se buscó conocer la diversidad genética y filogenia en el Parque Nacional de Cutervo, donde se llegó a identificar un gran número de especies reportando la presencia de varias nuevas especies.

III. Materiales y Métodos

3.1. Tipo de estudio

De acuerdo con el propósito de la investigación, el estudio fue de tipo básico y de nivel descriptivo, debido a que no se manipuló ninguna variable. Asimismo, presentó un enfoque cuantitativo, dado que se emplearon técnicas de análisis molecular y bioinformático para la obtención e interpretación de datos genéticos. Asimismo, la investigación se centró en el análisis del gen matK como marcador molecular para la identificación genética de las especies evaluadas.

3.2. Zona de estudio

La investigación se desarrolló en el TEI – FFS – EBS de la UNTUMBES, ubicado en el sector Garbanzal, distrito de San Juan de la Virgen, provincia y departamento de Tumbes.

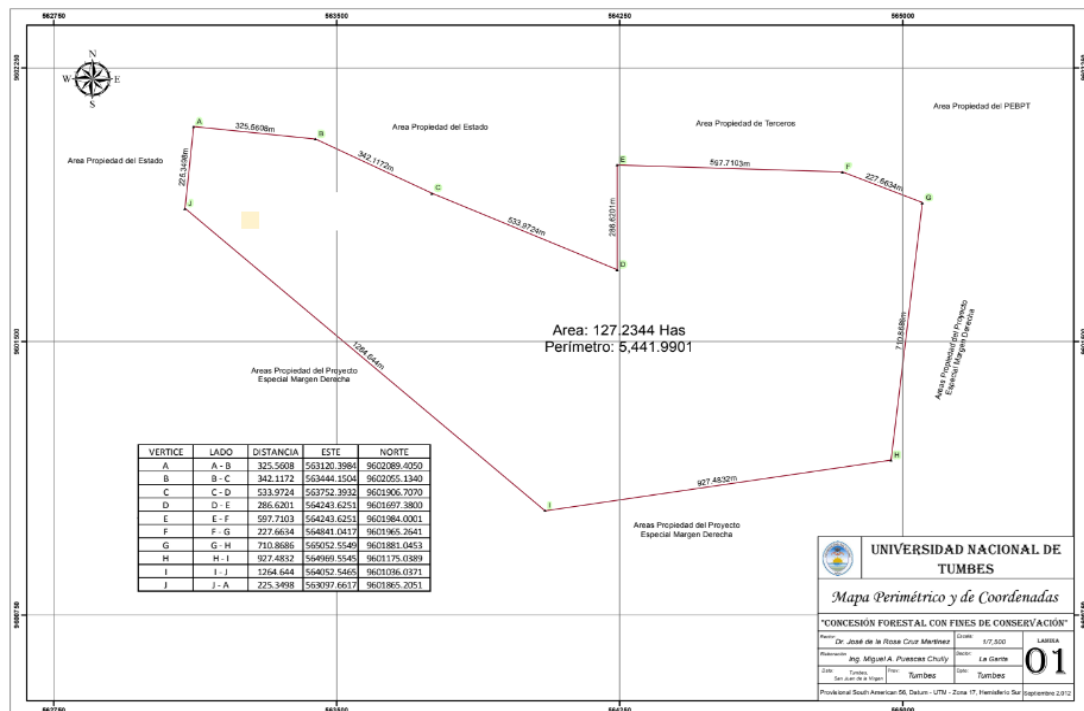


Figura 1. Mapa de área y perímetro del TEI – FFS – EBS de la UNTUMBES.

3.3. Hipótesis

Existe una alta diversidad genética en las especies del género *Bursera* presentes en la zona de vida matorral desértico del TEI – FFS – EBS de la UNTUMBES.

3.4. Recolección de muestras

El muestreo fue dirigido a individuos del género *Bursera*. Se empleó la metodología descrita por Peña Yacila et al. (2021), con modificaciones. La identificación preliminar se realizó mediante características morfológicas.

Se recolectó material botánico (hojas) de cada individuo. Durante el proceso se registraron coordenadas geográficas, información dasométrica y estado fenológico. Las muestras fueron rotuladas y almacenadas en bolsas herméticas para su posterior procesamiento.

Se seleccionaron hojas jóvenes y libres de patógenos. Posteriormente, las muestras fueron enviadas a un jardín botánico para su identificación taxonómica, con la finalidad de confirmar su pertenencia al género *Bursera*.

3.5. Extracción de ADN genómico

La extracción de ADN genómico se realizó mediante un protocolo adaptado de Peña Yacila et al. (2021). Inicialmente, los tejidos fueron lavados con agua destilada estéril, seguidos de un proceso de esterilización con solución de hipoclorito de sodio al 0,8 %, y un enjuague final con agua destilada estéril.

Los tejidos desinfectados fueron triturados con nitrógeno líquido en mortero, con el fin de facilitar la lisis mecánica. Posteriormente, el material fue procesado utilizando un kit comercial de extracción de ADN genómico de plantas (Thermo Scientific, EE.UU.), siguiendo las instrucciones del fabricante.

La concentración y pureza del ADN se determinaron mediante un espectrofotómetro NanoDrop (Thermo Fisher Scientific, EE.UU.).

3.6. Amplificación de genes

La amplificación del ADN se realizó mediante la técnica de reacción en cadena de la polimerasa (PCR). Las reacciones se llevaron a cabo en un volumen final de 25 µl, compuesto por 17,2 µl de agua ultrapura, 2,5 µl de buffer Taq 1X, 2,5 µl de MgCl₂ (2,5 mM), 0,5 µl de dNTPs (0,2 mM), 0,6 µl de cada cebador (0,36 pmol/µl), 0,1 µl de Taq ADN polimerasa (0,02 U/µl) y 1,0 µl de ADN genómico.

El perfil térmico consistió en una desnaturalización inicial a 94 °C durante 5 minutos, seguida de 35 ciclos de desnaturalización a 94 °C por 30 segundos, alineamiento a 58 °C por 45 segundos y extensión a 72 °C por 45 segundos, con una extensión final a 72 °C durante 4 minutos.

3.7. Validación de la extracción genómica

Los productos de PCR se verificaron mediante electroforesis horizontal en gel de agarosa al 1,5 %, utilizando TAE 1X como buffer. Se mezclaron 8 µl del producto de PCR con 2 µl de buffer de carga. Posteriormente la migración se realizó a 90 V durante 30 minutos.

3.8. Secuenciación y análisis filogenético

Los productos validados mediante electroforesis fueron enviados para secuenciamiento. Las secuencias obtenidas fueron editadas y depuradas para eliminar regiones de baja calidad.

Posteriormente, se realizó el alineamiento múltiple de secuencias utilizando el algoritmo MUSCLE, implementado en el software MEGA versión 12, considerando regiones codificantes y no codificantes. Para optimizar el alineamiento, se emplearon parámetros predeterminados, incluyendo penalización por apertura y extensión de gaps.

El análisis filogenético se realizó mediante el método Neighbor-Joining (NJ), utilizando el modelo de Máximo Composite Likelihood para el cálculo de distancias evolutivas. La confiabilidad de los clados se evaluó mediante análisis bootstrap con 1000 réplicas.

El árbol filogenético fue visualizado y editado en el mismo software, mostrando las relaciones evolutivas entre las secuencias obtenidas y las secuencias de referencia de la base de datos del NCBI.

3.9. Análisis de resultados

El análisis bioinformático se realizó mediante la comparación de las secuencias obtenidas con la base de datos del NCBI, utilizando el algoritmo BLASTn. Para la asignación taxonómica preliminar, se consideraron los parámetros de porcentaje de identidad, cobertura de alineamiento y valor E (E-value).

IV. Resultados y discusiones

4.1. Extracción de muestras

Se recolectaron seis muestras de *Bursera graveolens* en el área de la concesión forestal – UNTUMBES, correspondiente a la zona de vida matorral desértico tropical. Las coordenadas geográficas fueron registradas mediante GPS, considerando también el diámetro a la altura del pecho (DAP) y la altura total de cada ejemplar.

Tabla 1.

Datos de campo de las muestras de Bursera graveolens colectadas.

N°	Especie	Este	Norte	DAP	ALT
M1	<i>Bursera graveolens</i>	564064	9601323	30	5 m
M2	<i>Bursera graveolens</i>	564359	9601360	32	5 m
M3	<i>Bursera graveolens</i>	564175	9601366	60	7 m
M4	<i>Bursera graveolens</i>	564437	9601420	35	6 m
M5	<i>Bursera graveolens</i>	564122	9601601	37	6 m
M6	<i>Bursera graveolens</i>	564445	9601497	32	6.5 m

Las muestras se distribuyeron dentro del área de concesión en un rango de alturas de 5 a 7 m y diámetros entre 30 y 60 cm, lo que evidencia una población estructuralmente diversa. Los árboles se ubicaron en zonas de vegetación seca con predominio de especies aromáticas y resinosas, características del matorral desértico tumbesino. Las muestras se distribuyeron tal como se aprecia en la figura 1.

El material foliar recolectado fue almacenado en sílica gel para preservar la integridad del ADN, siendo posteriormente procesado para la extracción, amplificación y secuenciamiento del gen matK.

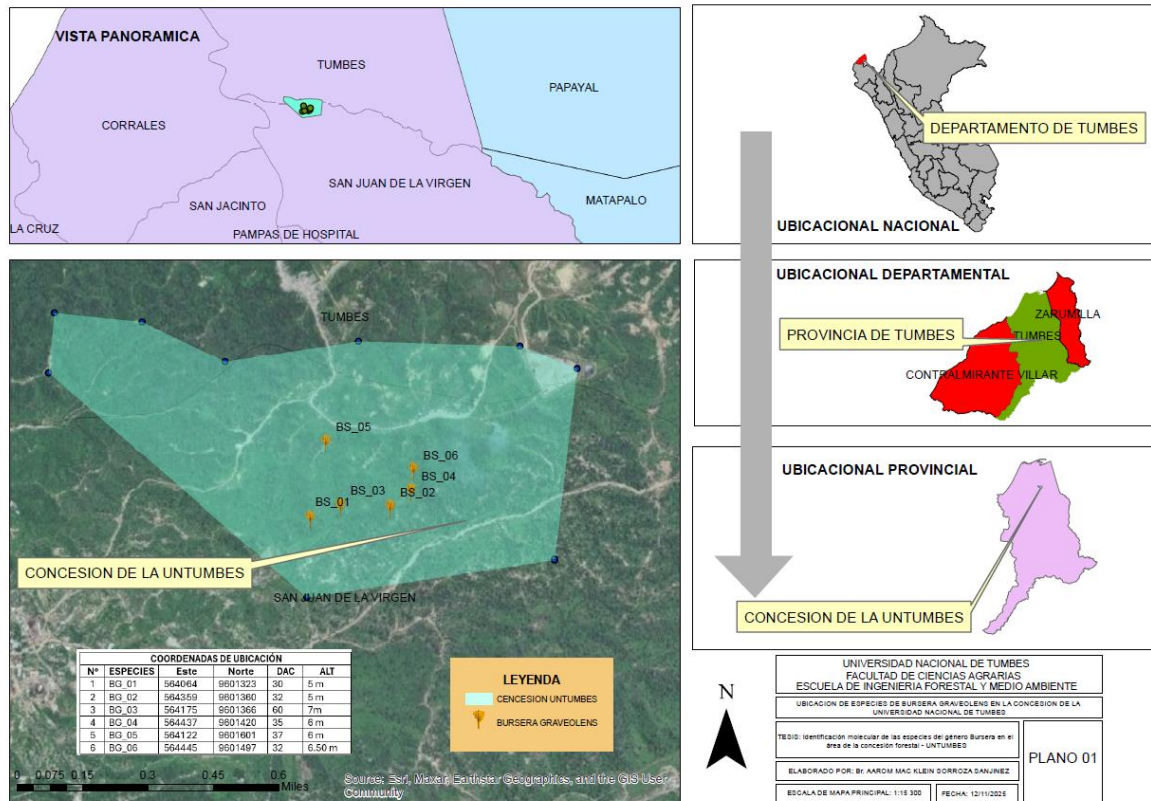


Figura 2. Distribución de las muestras de *Bursera graveolens* colectadas.

4.2. Identificación molecular

El análisis molecular se realizó mediante la amplificación del gen *matK*, empleando los iniciadores *matK_Fw* y *matK_Rv*, con la enzima Phusion High-Fidelity DNA Polymerase. Los productos amplificados fueron secuenciados por electroforesis capilar en Bio Basic Inc. (Canadá). Las secuencias obtenidas se compararon con la base de datos del NCBI (GenBank) mediante el algoritmo BLASTn, para determinar la similitud con genomas de referencia del género *Bursera*.

Tabla 2.

Resultados del análisis de identificación molecular de las muestras del género Bursera.

N°	Muestra	Cobertura (%)	Identidad (%)	E-value	Identificación Molecular	Genoma de Referencia
1	M2	100	98.17	0.0	<i>Bursera tormentosa</i>	JQ587170.1
2	M4	100	98.17	0.0	<i>Bursera tormentosa</i>	JQ587170.1

Las muestras M2 y M4 presentaron una cobertura del 100 % y una identidad del 98.17 % respecto al genoma de referencia de *Bursera tormentosa* (ID JQ587170.1), con un valor E de 0.0, lo que indica una coincidencia altamente significativa. Sin embargo, la identificación botánica de campo permitió clasificar estas muestras como *Bursera graveolens* (Kunth) Triana & Planch (anexo 1), evidenciándose una discrepancia entre los resultados morfológicos y moleculares.

Esta discrepancia puede explicarse por diversos factores. En primer lugar, la distribución geográfica de *B. graveolens* en el norte del Perú está ampliamente documentada en ecosistemas de bosque seco tropical y matorral desértico (Aguirre y Cabrera, 2021). En contraste, *B. tormentosa* presenta menor evidencia de distribución en la zona de estudio, lo que sugiere que la coincidencia molecular podría reflejar proximidad filogenética más que una identificación taxonómica precisa.

Asimismo, en el género *Bursera* se ha reportado la presencia de procesos de hibridación e introgresión, como en el complejo *B. bicolor* × *B. glabrifolia*, lo que incrementa la dificultad en la delimitación de especies (Ocampo et al., 2023).

Por otro lado, el marcador matK, aunque ampliamente utilizado en estudios de código de barras de ADN, presenta limitaciones en la discriminación de especies estrechamente relacionadas (Elbogen, 2012). Asimismo, en el estudio de Teklemariam et al., (2023) en un estudio de especies de *Burseraceae* de Sumatra se identificó sólo al 31 % de muestras a nivel de especie con matK y al 36 % al combinar matK + rbcL, lo que demuestra una carencia de “barcode gap” y sugiere la necesidad de múltiples

marcadores para asegurar la diferenciación entre especies estrechamente relacionadas.

Esto explica que, aunque se obtuvo una alta identidad (98.17 %), no puede interpretarse como una asignación inequívoca de especie. Puede tratarse de un linaje cercano de *B. graveolens* que no está bien representado en GenBank, incluso podría tratarse de hibridación o intercambio genético entre especies del género en el ecosistema. Por otra parte, el protocolo de extracción y amplificación puede haber sido afectado por los compuestos aromáticos presentes en *B. graveolens*.

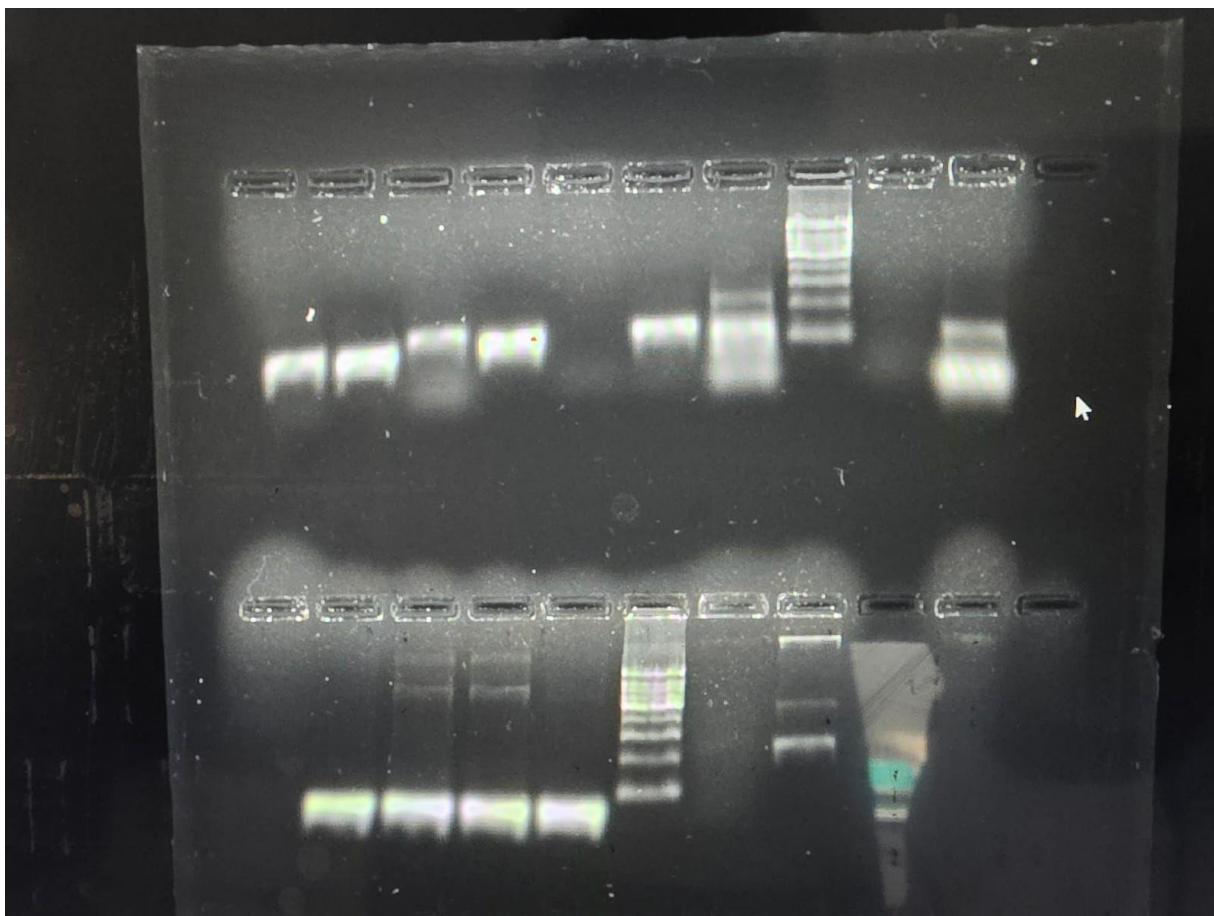
Los aceites esenciales, resinas y otros metabolitos secundarios pueden actuar como inhibidores de la extracción de ADN, de la amplificación por PCR y generar ruido en electroforesis (Bailey, et al., 2022). Asimismo, en la investigación de Noel-Martinez et al., (2021) se reporta altos contenidos de limoneno y otros terpenos que podrían actuar como inhibidores del análisis genético.

En la presente investigación, si bien se extrajeron seis muestras, se reportó presencia de ruido de fondo en la electroforesis (figura 3), lo que reduce la eficiencia del análisis molecular y puede introducir errores en la lectura o interpretación de la secuencia. En consecuencia, si bien las muestras entran sin duda en el género *Bursera*, la evidencia actual no permite afirmar con certeza que corresponden específicamente a *B. graveolens*; la coincidencia molecular con *B. tormentosa* sugiere proximidad filogenética o insuficiencia del marcador usado.

Este hecho refuerza la necesidad de optimizar el protocolo de extracción para plantas aromáticas, como el uso de CTAB modificado con PVP, β -mercaptoetanol, limpieza específica de resinas y aceites, cuantificación rigurosa de ADN (razones A260/280 y A260/230) e integridad previa a la PCR.

Figura 3.

Electroforesis de las muestras colectadas.



Esto es reforzado por Nazar et al., (2022) quienes encontraron que en plantas con fuertes metabolitos secundarios (aceites esenciales, resinas) la técnica estándar de “barcoding” con uno o dos marcadores (*matK* y *rbcl*) presenta importantes limitaciones. En concreto, se señalan que la presencia de compuestos aromáticos puede inhibir la obtención de ADN de calidad, que muchos géneros presentan hibridación o grupos crípticos, y que los marcadores plastídicos solos no siempre permiten diferenciar especies cercanas.

Además, en el estudio de Rico et al. (2022) se reporta que, para el género *Bursera*, el ensamblaje genómico permitió identificar entre 21,000 y 32,000 genes codificantes de proteínas, así como repeticiones simples de secuencia (SSRs) y polimorfismos de nucleótido único (SNPs).

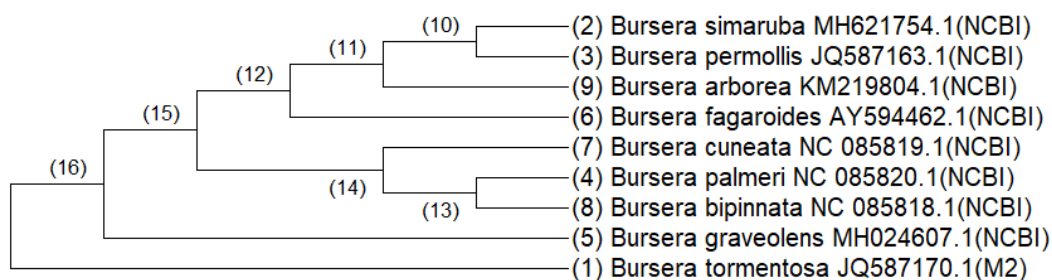
Asimismo, se evidenció que la divergencia genética intragenérica es considerable, lo que sugiere que la delimitación de especies requiere el uso de recursos genómicos más amplios. En sus conclusiones, los autores señalan que los recursos genómicos disponibles para el género aún son limitados y que la diversidad genética, junto con el flujo génico, dificulta la delimitación taxonómica de las especies.

4.3. Árbol filogenético

El análisis filogenético, basado en el método Neighbor-Joining (NJ) y el modelo de Máximo Composite Likelihood, permitió inferir las relaciones evolutivas entre las secuencias del género *Bursera*.

Figura 4.

Reconstrucción filogenética de especies de Bursera.



El árbol obtenido presentó una longitud total de ramas de 0.042, lo que indica baja divergencia genética entre los taxones analizados. La topología evidenció la formación de clados bien definidos dentro del género. La muestra M2 se agrupó estrechamente con secuencias de referencia reportadas en la base de datos del NCBI, lo que indica una alta afinidad filogenética. Sin embargo, también se observó cercanía con otras especies del mismo género, como *Bursera graveolens* y *Bursera bipinnata*, lo que sugiere relaciones evolutivas próximas. Estos resultados son consistentes con estudios previos (Becerra y Venable, 1999; De-Nova et al., 2012), los cuales evidencian la presencia de clados definidos y linajes estrechamente relacionados dentro del género.

V. Conclusiones

1. Se identificó la diversidad genética del género *Bursera* en el área de la concesión forestal de la UNTUMBES mediante el análisis del gen matK, evidenciando una baja divergencia genética entre las muestras evaluadas y una estrecha relación filogenética entre los taxones analizados.
2. La identificación molecular mediante el gen matK permitió asignar las muestras analizadas a especies del género *Bursera*, registrándose una alta similitud genética con secuencias de referencia reportadas en la base de datos GenBank.
3. Se recopiló información de secuencias génicas del género *Bursera* correspondientes al área de estudio, constituyendo un aporte al conocimiento de la diversidad genética de este género en el norte del Perú.
4. El análisis filogenético permitió estructurar un diagrama de relaciones evolutivas del género *Bursera*, evidenciando la formación de clados definidos y la cercanía genética entre las muestras evaluadas y especies afines.

VI. Recomendaciones

1. Se recomienda ampliar el número de muestras analizadas, así como incrementar la cantidad de secuencias de referencia provenientes de bases de datos públicas, con la finalidad de fortalecer la robustez del análisis filogenético y mejorar la interpretación de las relaciones evolutivas.
2. Se recomienda emplear un mayor número de marcadores moleculares en futuras investigaciones, debido a que el uso limitado de regiones génicas, como en el presente estudio, puede restringir la resolución filogenética a nivel de especie.
3. Se recomienda optimizar los protocolos de extracción de ADN en especies con alto contenido de metabolitos secundarios, mediante el uso de métodos como CTAB modificado con PVP y β -mercaptoetanol, con el fin de mejorar la calidad y pureza del material genético.
4. Se recomienda incorporar el uso de marcadores complementarios, tales como ITS o combinaciones multilocus, que permitan incrementar la capacidad de discriminación entre especies estrechamente relacionadas del género *Bursera*.

VII. Referencias bibliográficas

- Aguirre Mendoza, Zhofre, & Cabrera Guerrero, Orlando. (2021). Parámetros poblacionales y regeneración natural de *Bursera graveolens* (Kunth) Triana & Planch (Burseraceae), en Zapotillo, Ecuador. *Arnaldoa*, 28(2), 305-318. <https://doi.org/10.22497/arnaldoa.282.28203>
- Alva Mejia, C. A. (2022). *Identificación y cuantificación de las especies de flora silvestre a nivel arbóreo, arbustivo y cactáceas en el área de la concesión forestal de la Universidad Nacional de Tumbes*. [Tesis de pregrado, Universidad Nacional de Tumbes]. <https://repositorio.untumbes.edu.pe/handle/20.500.12874/63463>
- Andrés-Hernández, A.R., Espinosa, D., Fraile-Ortega, M.E., y Terrazas, T. (2012). Venation patterns of *Bursera* species Jacq. ex L. (Burseraceae) and systematic significance. *Plant Systematics and Evolution*, 298(9), 1723–1731. <https://doi.org/10.1007/S00606-012-0673-X/METRICS>
- Bailey, D. W., Attia, Z., Reinert, S., S Hulke, B., & Kane, N. C. (2022). Effective Strategies for Isolating DNA from Members of Asteraceae with High Concentrations of Secondary Metabolites. *BioTechniques*, 72(3), 85–89. <https://doi.org/10.2144/btn-2021-0050>
- Becerra, J.X. (2003). Evolution of Mexican *Bursera* (Burseraceae) inferred from ITS, ETS, and 5S nuclear ribosomal DNA sequences. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 26(2), 300–309. [https://doi.org/10.1016/S1055-7903\(02\)00256-7](https://doi.org/10.1016/S1055-7903(02)00256-7)
- Becerra, J.X., y Venable, D.L. (1999). Nuclear ribosomal DNA phylogeny and its implications for evolutionary trends in Mexican *Bursera* (Burseraceae). *American Journal of Botany*, 86(7), 1047–1057. <https://doi.org/10.2307/2656622>

- Bonfil-Sanders, C., Cajero-Lázaro, I., y Evans, R.Y. (2008). Germinación de semillas de seis especies de *Bursera* del centro de México. *Agrociencia*, 42(7), 827–834. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?pid=S1405-31952008000700009&script=sci_arttext
- Cañarte-Vélez, C. R., & Ponce-Párraga, K. Y. (2021). Viabilidad técnica en la extracción de aceites esenciales en la hoja de palo santo (*Bursera Graveolens*). *Domino de las Ciencias*, 7(1), 124–137. <https://doi.org/10.23857/DC.V7I1.1632>
- Carrión-Paladines, V., Fries, A., Gómez-Muñoz, B., y García-Ruiz, R. (2016). Agrochemical characterization of vermicomposts produced from residues of Palo Santo (*Bursera graveolens*) essential oil extraction. *Waste Management*, 58, 135–143. <https://doi.org/10.1016/J.WASMAN.2016.09.002>
- Castillo, M.L., Schaffner, U., Van Wilgen, B.W., Montañó, N.M., Bustamante, R.O., Cosacov, A., Mathese, M.J., y Le Roux, J.J. (2021). Genetic insights into the globally invasive and taxonomically problematic tree genus *Prosopis*. *AoB Plants*, 13(1). <https://doi.org/10.1093/AOBPLA/PLAA069>
- Castillo-Carrillo, P.S., Cornejo Hidalgo, R., Solís Veliz, J., y Gómez, M. (2022). Actividad ovicida-larvicida, larvicida y repelencia del aceite esencial del “palo santo” *Bursera graveolens* sobre *Aedes aegypti*. *Manglar*, 19(3), 263–269. <https://doi.org/10.17268/MANGLAR.2022.033>
- Castro, M. E., y Torrecilla, P. (2013). Estudio de la epidermis foliar en algunas especies de *Bursera* Jacq. Ex L. (*Burseraceae*) y sus implicaciones taxonómicas. *Acta botánica mexicana*, (105), 11-29. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-71512013000400002&lng=es&tlng=es.

- Cerrón, J., Fremout, T., Atkinson, R., Thomas, E., y Cornelius, J. (2019). Experiencias de restauración y fuentes semilleras en el Bosque Seco Tropical del norte del Perú: Estado actual y lecciones aprendidas. *Bioversity International*. https://www.researchgate.net/publication/336132378_Experiencias_de_restauracion_y_fuentes_semilleras_en_los_bosques_secos_tropicales_del_norte_del_Peru
- Collins, E. S., Gostel, M. R., & Weeks, A. (2016). An expanded nuclear phylogenomic PCR toolkit for Sapindales. *Applications in Plant Sciences*, 4(12), 1600078. <https://doi.org/10.3732/APPS.1600078>
- Cueva Ortiz, J., Espinosa, C.I., Dahik, C.Q., Mendoza, Z.A., Ortiz, E.C., Gusmán, E., Weber, M., y Hildebrandt, P. (2019). Influence of Anthropogenic Factors on the Diversity and Structure of a Dry Forest in the Central Part of the Tumbesian Region (Ecuador–Perú). *Forests*, 10(1), 31. <https://doi.org/10.3390/F10010031>
- Dannaway, F.R. (2010). Strange fires, weird smokes and psychoactive combustibles: Entheogens and incense in ancient traditions. *Journal of Psychoactive Drugs*, 42(4), 485–497. <https://doi.org/10.1080/02791072.2010.10400711>
- De-Nova J. A et al. (2012). Insights into the historical construction of species-rich Mesoamerican seasonally dry tropical forests: the diversification of Bursera (Burseraceae, Sapindales). *New Phytol.* 193(1):276–287. <https://doi.org/10.1111/j.1469-8137.2011.03909.x>
- Dourojeanni, M.J., Malleux, J., Sabogal, C., Lombardi, I., Tarazona, R., Rincón, C., Scheuch, H., y Barriga, C. A. (2021). Fundamentos de una nueva política forestal para el Perú. *Revista Forestal del Perú*, 36(2), 118–179. <https://doi.org/10.21704/rfp.v36i2.1796>
- Duke, J.A. (2008). *Duke's Handbook of Medicinal Plants of Latin America*. CRC Press. <https://doi.org/10.1201/9781420043174>

- Dunphy, B.K., y Hamrick, J.L. (2007). Estimation of gene flow into fragmented populations of *Bursera simaruba* (Burseraceae) in the dry-forest life zone of Puerto Rico. *American Journal of Botany*, 94(11), 1786–1794. <https://doi.org/10.3732/AJB.94.11.1786>
- Eduarte Saltos, R., Bec, N., Salinas Rivera, M., Ramírez Robles, J., Larroque, C., & Armijos, C. (2022). Composición química y actividad AChE-BuChE del aceite esencial de palo santo *Bursera graveolens* (Kunth) Triana & Planch de Jipijapa, Ecuador. *Boletín Latinoamericano y Del Caribe de Plantas Medicinales y Aromáticas*, 21(4), 455–463. <https://doi.org/10.37360/BLACPMA.22.21.4.28>
- Enciso, C.M. (2022). *Cadena productiva del aceite de Palo Santo (Bursera graveolens) en los bosques secos de Piura* [Tesis de maestría, Pontificia Universidad Católica del Perú]. <http://hdl.handle.net/20.500.12404/22377>
- Elbogen, E. (2012). Identification of Burseraceae trees from Peru: a comparison of the nuclear DNA marker ITS and the plastid DNA marker rbcL for DNA barcoding. *Berkeley Scientific Journal*, 16(2). <http://dx.doi.org/10.5070/BS3162016108>
- FAO. (2020, May 22). *The State of the World's Forests 2020*. The State of the World's Forests 2020; FAO and UNEP. <https://doi.org/10.4060/CA8642EN>
- Fon-Fay, F.M., Pino, J.A., Hernández, I., Rodeiro, I., y Fernández, M.D. (2019). Chemical composition and antioxidant activity of *Bursera graveolens* (Kunth) Triana et Planch essential oil from Manabí, Ecuador. *Journal of Essential Oil Research*, 31(3), 211–216. <https://doi.org/10.1080/10412905.2018.1564381>
- Gigliarelli, G., Becerra, J., Curini, M., y Marcotullio, M. (2015). Chemical Composition and Biological Activities of Fragrant Mexican Copal (*Bursera* spp.). *Molecules*, 20(12), 22383–22394. <https://doi.org/10.3390/molecules201219849>
- Hasnat, G. N. T., & Hossain, M. K. (2020). Global Overview of Tropical Dry Forests. In R. Bhadouria, S. Tripathi, P. Srivastava, y P. Singh (Eds.), *Handbook of Research on the Conservation and Restoration of Tropical Dry Forests* (pp. 1-23). IGI Global Scientific Publishing. <https://doi.org/10.4018/978-1-7998-0014-9.ch001>

- Hernández-Rodríguez, Z.G., Castro-Moreno, M., González-Esquinca, A.R., y de-la-Cruz-Chacón, I. (2021). Fenología de *Bursera simaruba* y *Bursera tomentosa* en un bosque tropical seco de Chiapas, México. *Madera y bosques*, 27(3), e2732246. <https://doi.org/10.21829/myb.2021.2732246>
- Hernández-Oria, J. G. (2007). Desaparición del Bosque Seco en El Bajío mexicano: Implicaciones del ensamblaje de especies y grupos funcionales en la dinámica de una vegetación amenazada. *Zonas Áridas*, 11(1). <https://concyteq.edu.mx/wp-content/uploads/2023/07/2017-06-392.pdf>
- Horna Oliva, M.D.P. (2022). *Modelo de gestión ecoeficiente para la sostenibilidad del bosque seco del norte del Perú ante el cambio climático, 2022-2024* [Tesis de maestría, Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo]. <https://hdl.handle.net/20.500.12893/10828>
- Hughes, C. E., Ringelberg, J. J., Lewis, G. P., & Catalano, S. A. (2022). Disintegration of the genus *Prosopis* L. (Leguminosae, Caesalpinioideae, mimosoid clade). *PhytoKeys*, 205, 147–189. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.205.75379>
- IUCN. (2019). *Bursera graveolens* (coyoluche, coyoluxi, mizquixochicopalli (náhuatl); nabanche, x-chité (maya); aceitilla, aceitillo, azafrán, palo hediondo (español)). *The IUCN Red List of Threatened Species*. <https://www.iucnredlist.org/es/species/67836767/144249196>
- Johnson, A., Johnson, M.B., Palzkill, A., Hildebrand, T., y Joseph, G. (1992). *The Genus Bursera (Burseraceae) in Sonora, Mexico and Arizona, U.S.A.* [CALS Publications Archive, The University of Arizona]. <https://repository.arizona.edu/handle/10150/609146>
- Leal-Pinedo, J.M., y Linares-Palomino, R. (2005). Los Bosques Secos de la Reserva de Biosfera del Noroeste (Perú): Diversidad arbórea y estado de conservación. *Caldasia*, 27(2), 195-211. http://www.scielo.org.co/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0366-52322005000200003

- Luján-hidalgo, C.M., Gutiérrez-miceli, A.F., Ventura-canseco, L.M.C., Dendooven, L., Mendoza-lópez, M.R., Cruz-sánchez, S., García-barradas, O., y Abud-archila, M. (2012). Composición química y actividad antimicrobiana de los aceites esenciales de hojas de *Bursera graveolens* y *Taxodium mucronatum* de Chiapas, México. *Gayana Bot*, 69, 7–14. https://www2.udec.cl/~gvalencia/pdf/GB2012_69_ne_Lujan-Hidalgo_et al.pdf
- Mabberley's, D. J. (2017). *Mabberley's plant-book: a portable dictionary of plants, their classification and uses*. In *Mabberley's plant-book: a portable dictionary of plants, their classification and uses*. (Vol. 4, Issue Ed. 4). Cambridge University Press.
- Manrique Enciso, C. (2022). Cadena productiva del aceite de Palo Santo (*Bursera graveolens*) en los bosques secos de Piura [Tesis de maestría, Universidad Nacional de Piura]. <https://tesis.pucp.edu.pe/repositorio/handle/20.500.12404/22377>
- Melecio, E.Q., Rico, Y., Noriega, A.L., y Rodríguez, A.G. (2021). Molecular evidence and ecological niche modeling reveal an extensive hybrid zone among three *Bursera* species (section *Bullockia*). *Plos One*, 16(11), e0260382. <https://doi.org/10.1371/JOURNAL.PONE.0260382>
- Nazar, N., Howard, C., Slater, A., y Sgamma, T. (2022). Challenges in Medicinal and Aromatic Plants DNA Barcoding-Lessons from the Lamiaceae. *Plants (Basel, Switzerland)*, 11(1), 137. <https://doi.org/10.3390/plants11010137>
- Noel-Martinez, K. C., Cruz, G.J.F., y Solis-Castro, R.L. (2021). *Bursera graveolens* essential oil: Physiochemical characterization and antimicrobial activity in pathogenic microorganisms found in *Kajikia audax*. *Scientia Agropecuaria*, 12(3), 303–309. <https://doi.org/10.17268/SCI.AGROPECU.2021.033>
- Ocampo-Bautista, F., Mussali-Galante, P., Alvarez, L., Marquina-Bahena, S., Valencia-Cuevas, L., Valencia-A.S., y Tovar-Sánchez, E. (2023). Natural Hybridization between *Bursera bicolor* × *B. glabrifolia* (Burseraceae) Complex: Molecular and Chemical Evidence. *Forests*, 14(7), 1382. <https://doi.org/10.3390/f14071382>

- Olden, J.D., Poff, N.L.R., Douglas, M.R., Douglas, M.E., y Fausch, K.D. (2004). Ecological and evolutionary consequences of biotic homogenization. *Trends in Ecology & Evolution*, 19(1), 18–24. <https://doi.org/10.1016/J.TREE.2003.09.010>
- Peña Yacila, K.A., Suarez-Peña, E.A., Torres Pera, C.A., Bermejo Requena, L.A., Llacsa Sánchez, L.X., Zárate Rodríguez, I., Paredes-Vilca, O.J., y Dávila García, J.Y. (2021). Diversidad genética y filogenia del género *Cinchona* en el Parque Nacional de Cutervo, Perú. *Scientia Agropecuaria*, 12(4), 517–524. <https://doi.org/10.17268/SCI.AGROPECU.2021.056>
- Peters, C.M., Purata, S.E., Chibnik, M., Brosi, B.J., Lopez, A.M., y Ambrosio, M. (2003). The life and times of *Bursera glabrifolia* (H.B.K.) Engl. in Mexico: A parable for ethnobotany. *Economic Botany*, 57(4), 431–441. [https://doi.org/10.1663/0013-0001\(2003\)057\[0431:NBRLGF\]2.0.CO;2](https://doi.org/10.1663/0013-0001(2003)057[0431:NBRLGF]2.0.CO;2)
- Poelchau, M. F., & Hamrick, J. L. (2013). Comparative phylogeography of three common Neotropical tree species. *Journal of Biogeography*, 40(4), 618–631. <https://doi.org/10.1111/J.1365-2699.2011.02599.X>
- Puecas, M., Herrera, E., Moscol, J., y Solís, J. (2022). Rendimiento de aceite esencial a partir de madera de *Bursera graveolens*: Aprovechamiento de astillas, viruta y aserrín. *Manglar*, 19(2), 131–136. <https://doi.org/10.17268/MANGLAR>
- Quintero Melecio, E., Rico, Y., Lira Noriega, A., y González Rodríguez, A. (2021). Molecular evidence and ecological niche modeling reveal an extensive hybrid zone among three *Bursera* species (section *Bullockia*). *Plos One*, 16(11), e0260382. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0260382>
- Raha, D., Dar, J.A., Pandey, P.K., Lone, P.A., Verma, S., Khare, P.K., y Khan, M.L. (2020). Variation in tree biomass and carbon stocks in three tropical dry deciduous forest types of Madhya Pradesh, India. *Carbon Management*, 11 (2), 109–120. <https://doi.org/10.1080/17583004.2020.1712181>

- Rico, Y., Lorenzana, G.P., Benítez-Pineda, C.A., y Olukolu, B.A. (2022). Development of Genomic Resources in Mexican *Bursera* (Section: *Bullockia*: *Burseraceae*): Genome Assembly, Annotation, and Marker Discovery for Three Copal Species. *Genes*, 13(10). <https://doi.org/10.3390/GENES13101741/S1>
- Rivas, C.A., Navarro-Cerillo, R.M., Johnston, J.C., y Guerrero-Casado, J. (2020). Dry forest is more threatened but less protected than evergreen forest in Ecuador's coastal region. *Environmental Conservation*, 47(2), 79–83. <https://doi.org/10.1017/S0376892920000077>
- Rosell, J.A., Olson, M.E., Weeks, A., De-Nova, J.A., Lemos, R.M., Camacho, J.P., Feria, T.P., Gómez-Bermejo, R., Montero, J.C., y Eguiarte, L.E. (2010). Diversification in species complexes: Tests of species origin and delimitation in the *Bursera simaruba* clade of tropical trees (*Burseraceae*). *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 57(2), 798–811. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2010.08.004>
- Salas López, R., Castillo, E. B., & Cruz, M. O. (2014). Dinámica multitemporal de índices de deforestación en el distrito de Florida, departamento de Amazonas, Perú. *Revista Indes*, 2(1), 18–27. <https://doi.org/10.25127/indes.201401.002>
- Sánchez Anchundia, M. A. (2019). *Prendimiento de Bursera graveolens(kunth) Triana & Planch (2011), en etapa de vivero usando combinación de sustratos y enraizante natural*. [Tesis de pregrado, Universidad Estatal del Sur de Manabí]. <http://repositorio.unesum.edu.ec/handle/53000/1752>
- SERFOR. (2019). *Informe del Inventario Nacional Forestal y de Fauna Silvestre - Primer panel*. <https://www.serfor.gob.pe/portal/wp-content/uploads/2020/03/INFORME-DEL-INFFS-PANEL-1.pdf>
- Siyum, Z.G. (2020). Tropical dry forest dynamics in the context of climate change: syntheses of drivers, gaps, and management perspectives. *Ecological Processes*, 9(1), 1–16. <https://doi.org/10.1186/S13717-020-00229-6/METRICS>

- Sri Rama Murthy, K., Chandrasekhara Reddy, M., Sandhya Rani, S., Sri Rama Murthy, C.K., y Pullaiah, T. (2016). Bioactive principles and biological properties of essential oils of Burseraceae: A review. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*, 5(2), 247–258. <https://www.phytojournal.com/archives/2016.v5.i2.836/bioactive-principles-and-biological-properties-of-essential-oils-of-burseraceae-a-review>
- Teklemariam, D.M., Gailing, O., Siregar, I.Z., Amandita, F.Y., y Moura, C.C. M. (2023). Integrative taxonomy using the plant core DNA barcodes in Sumatra's Burseraceae. *Ecology and evolution*, 13(4), e9935. <https://doi.org/10.1002/ece3.9935>
- Weeks, A., Daly, D.C., y Simpson, B.B. (2005). The phylogenetic history and biogeography of the frankincense and myrrh family (Burseraceae) based on nuclear and chloroplast sequence data. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 35(1), 85–101. <https://doi.org/10.1016/J.YMPEV.2004.12.021>
- Weeks, A., & Simpson, B. B. (2004). Molecular genetic evidence for interspecific hybridization among endemic Hispaniolan *Bursera* (Burseraceae). *American Journal of Botany*, 91(6), 976–984. <https://doi.org/10.3732/ajb.91.6.976>
- Weeks, A., & Simpson, B. B. (2007). Molecular phylogenetic analysis of *Commiphora* (Burseraceae) yields insight on the evolution and historical biogeography of an “impossible” genus. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 42(1), 62–79. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2006.06.015>
- Weeks, A., y Tye, A. (2009). Phylogeography of palo santo trees (*Bursera graveolens* and *Bursera malacophylla*; Burseraceae) in the Galápagos archipelago. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 161(4), 396–410. <https://doi.org/10.1111/j.1095-8339.2009.01008.x>
- Yautibug Naula, W.A., y Zambrano Sánchez, K.L. (2019). *Extracción de aceite esencial del árbol de palo santo (Bursera Graveolens) y su aplicación culinaria* [Tesis de pregrado, Universidad de Guayaquil]. <http://repositorio.ug.edu.ec/handle/redug/42180>

Yukawa, C., Imayoshi, Y., Iwabuchi, H., Komemushi, S., y Sawabe, A. (2006).
Chemical composition of three extracts of *Bursera graveolens*. *Flavour and
Fragrance Journal*, 21(2), 234–238. <https://doi.org/10.1002/ffj.1563>

Anexo

Anexo 1. Informe de identificación taxonómica



UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS

(Universidad del Perú, DECANA DE AMÉRICA)

MUSEO DE HISTORIA NATURAL



“Año de la Recuperación y Consolidación de la Economía Peruana”

CONSTANCIA N° 351-USM-MHN-2025

LA JEFA DEL HERBARIO SAN MARCOS (USM) DEL MUSEO DE HISTORIA NATURAL, DE LA UNIVERSIDAD NACIONAL MAYOR DE SAN MARCOS, DEJA CONSTANCIA QUE:

La muestra vegetal (fértil) recibida de **Aarom Mac Klein Sorroza Sanjinez**, estudiante de pregrado de la Universidad Nacional de Tumbes ha sido estudiada y clasificada como: *Bursera graveolens* (Kunth) Triana & Planch. y tiene la siguiente posición taxonómica, según el Sistema de Clasificación APG IV (2016).

ORDEN : Sapindales Juss. ex Bercht. & J. Presl

FAMILIA : Burseraceae Kunth

GÉNERO : *Bursera* Jacq. ex L.

ESPECIE : *Bursera graveolens* (Kunth) Triana & Planch.

Nombre vulgar: “Palo Santo”

Procedencia: Área de la Concesión Forestal de la Universidad Nacional de Tumbes, Tumbes

Determinado por: Bach. Julio Torres.

Se extiende la presente constancia a solicitud de la parte interesada, para los fines que estime conveniente.

Lima, 3 de noviembre de 2025

Dra. Joaquina Albán Castillo

JEFA DEL HERBARIO SAN MARCOS (USM)

Anexo 2. Informe de resultados de identificación molecular.



INFORME DE RESULTADOS

Identificación molecular

Atención:
Ing.
Erick Suárez
Universidad Nacional de Tumbes

Datos de las muestras

Muestras	Conservación	Presentación	Análisis
2 muestra	Cadena de frío	ADN	Secuenciamiento por electroforesis capilar (región <i>matK</i>)

Fecha: 20/08/2025



Declaración de Responsabilidad

El presente informe, ha sido elaborado por BIOTECOOP, para uso exclusivo del cliente. El uso de la información, opiniones o conclusiones devenidas del presente documento es responsabilidad exclusiva del mismo.



1. Procesamiento de las muestras

1.1 Extracción de ADN

Provisto por el cliente.

1.2 PCR y secuenciamiento

La PCR se realizó mediante la amplificación del gen *matK* con los iniciadores *matK_Fw* y *matK_Rv* (CCDB). Se usó la enzima Phusion High-Fidelity DNA Polymerase para la síntesis de productos de PCR.

Secuencia de iniciadores usados en la identificación:

<i>matK_Fw</i>	ACCCAGTCCATCTGGAAATCTTGGTTC
<i>matK_Rv</i>	CGTACAGTACTTTTGTGTTTACGAG

El producto de PCR fue secuenciado por Electroforesis Capilar por Bio Basic Inc. (Canadá) y su identificación fue realizada mediante comparación con la Base de datos universal de genomas del NCBI.

2. Resultados

2.1 Identificación molecular

Tabla 1: Datos del análisis de identificación molecular

Nº	Muestra	Cobertura (%)	Identidad (%)	E-value	Identificación Molecular	Genoma de Referencia	Observaciones
01	M2	100	98.17	0.0	<i>Bursera tormentosa</i>	JQ587170.1	
02	M4	100	98.17	0.0	<i>Bursera tormentosa</i>	JQ587170.1	

3. Referencias bibliográficas

White, T. J., T. Bruns, S. Lee, and J. W. Taylor. 1990. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics, p. 315-322. *In* M. A. Innis, D. H. Gelfand, J. J. Sninsky, and T. J. White (ed.), PCR protocols: a guide to methods and applications. Academic Press, Inc., New York, N.Y.



ANEXOS

M-2

SECUENCIA CONSENSO:

TTCTTTCTACCGAATATTTTAATTGGAATAGCCTTATTACTCCAAAGAAATCTAGTTTCATT
 TTTTCAAAAAGTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCCTATATAATTCTCATGTATGTGACTATGA
 ATCCATCTTCTTTTCTCCGTAAGCAATCTTCTCATTTACGATTAACATCTTCTGGAGTC
 TTTCTTGAGCGAATATATTTCTATCAAAAAGTAGAAGATCTTGTCGAAGTCTTGGCTAAC
 GATTTTCAGGACATCTTATGGTTGTTCAAGGATCCTTTCATGCATTCTGTAAATATCGA
 GGAAAATATATTCTGGCTTCAAAGGATACGCCTCTTCTAATGAATAAATGGAATATTAC
 CTTGTCAATTTATGGCAATGTCAATTTTACCTGTGGTCTCCACCGGGAAGGGTTCATATA
 AAGCACTTATACAAGCATTCTATCAACTTTCTGGGCTATCTTCCAGTGTGCGGCTAAAT
 CCTTTGGAGGAACGGAGTCAAATGCTAAAAAATTCATTTCAAATAGACAATGCTCTGAAA
 AAGTTTCGATCCAACCGTTCCAATTATTCTCTGATTGGATCAGTGAATAAGGCGCGTTTT
 TGTAACACATTTGGGCATCCCATAGTAAGCCGACCGGTCCGATTCTCAGATTCTCA
 TATTATCGACCGATTGTGCGTATATGCATAAATCT

DESCRIPCIÓN DEL ALINEAMIENTO:

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☒	Bursera tomentosa voucher BioBot00310 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera tomentosa	1210	1210	100%	0.0	97.86%	772	JQ587170.1
☒	Bursera palmeri isolate Bm67-1617 chloroplast, complete genome	Bursera palmeri	1205	1205	100%	0.0	97.72%	159872	NC_085820.1
☒	Bursera cuneata isolate Bc507_1919 chloroplast, complete genome	Bursera cuneata	1205	1205	100%	0.0	97.72%	159824	NC_085819.1
☒	Bursera bipinnata isolate Bp131_2919 chloroplast, complete genome	Bursera bipinnata	1199	1199	100%	0.0	97.57%	159865	NC_085818.1
☒	Bursera fagaroides maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera fagaroides	1177	1177	100%	0.0	97.00%	1516	KF224981.1
☒	Bursera fagaroides isolate 86 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera fagaroides	1177	1177	100%	0.0	97.00%	1892	AY594462.1
☒	Bursera fagaroides chloroplast, complete genome	Bursera fagaroides	1171	1171	100%	0.0	96.86%	159786	OQ730224.1
☒	Protium kleinii isolate PEIC161 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Protium kleinii	1160	1160	100%	0.0	96.58%	814	MG719092.1
☒	Protium costaricense voucher BCI-0067493240 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Protium costaricense	1160	1160	100%	0.0	96.58%	788	MZ493824.1
☒	Protium costaricense voucher BioBot06168 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Protium costaricense	1160	1160	100%	0.0	96.58%	772	JQ587172.1

ALINEAMIENTO DE REFERENCIA:

Bursera tomentosa voucher BioBot00310 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast					
Sequence ID: JQ587170.1 Length: 772 Number of Matches: 1					
Range 1: 22 to 722 GenBank Graphics			Next Match Previous Match		
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1210 bits(655)	0.0	686/701(98%)	1/701(0%)	Plus/Plus	
Query 1	TTCTTTCTAC -CGAATATTTTAATTGGAATAGCCTTATTACTCAAAGAAATCTAGTTTC	59			
Sbjct 22	TTCTTTCTACACGAATATTTTAATTGGAATAGCTTATTACTCAAAGAAATCTAGTTTC	81			
Query 60	ATTTTTTCAAAAAGTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCTATATAATTCTCATGTATGTGAC	119			
Sbjct 82	ATTTTTTCAAAAAGTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCTATATAATTCTCATGTATGTGAC	141			
Query 120	TATGAATCCATCTTCTTTTCTCCGTAAGCAATCTTCTCATTACGATTAAACATCTTCT	179			
Sbjct 142	TATGAATCCATCTTCTTTTCTCCGTAAGCAATCTTCTCATTACGATTAAACATCTTCT	201			
Query 180	GGAGTCTTCTTGAGCGAATATATTTCTATCAAAAAGTAGAAGATCTTGTCGAAGCTTG	239			
Sbjct 202	GGAGTCTTCTTGAGCGAATATATTTCTATCAAAAAGTAGAAGATCTTGTCGAAGCTTG	261			
Query 240	GCTAACGATTTTCAGGACATCTTATGGTGTTCAGGATCCTTTCATGCATTCTGTAAA	299			
Sbjct 262	GCTAACGATTTTCAGGACATCTTATGGTGTTCAGGATCCTTTCATGCATTCTGTAGA	321			
Query 300	TATCGAGGAAAATATATTTGGCTTCAAGGATACGCCTCTTCTAATGAATAAATGGAAA	359			
Sbjct 322	TATCGAGGAAAATATATTTGGCTTCAAGGATACGCCTCTTCTAATGAATAAATGGAAA	381			
Query 360	TATTACCTTGTCATTTATGGCAATGTCAATTTACCTGTGGTCTCCACGGGAAGGGTT	419			
Sbjct 382	TATTACCTTGTCATTTATGGCAATGTCAATTTACCTGTGGTCTCCACGGGAAGGGTT	441			
Query 420	CATATAAGCACTTATACAAGCATTCTATCAACTTTCTGGGCTATCTTCCAGTGTGCGG	479			
Sbjct 442	CATATAAGCACTTATACAAGCATTCTATCAACTTTCTGGGCTATCTTCCAGTGTGCGG	501			
Query 480	CTAAATCCTTTGGGGAACGGAGTCAATGCTAAAAAATTCATTCAAAATAGACAATGCT	539			
Sbjct 502	CTAAATCCTTTGGGGAACGGAGTCAATGCTAAAAAATTCATTCAAAATAGACAATGCT	561			
Query 540	CTGAAAAAGTTTCGATCCAACCGTTCCAATTATTCCTCTGATTGGATCAGTGAATAAGGCG	599			
Sbjct 562	CTGAAAAAGTTTCGATCCAACCGTTCCAATTATTCCTCTGATTGGATCAGTGAATAAGGCG	621			
Query 600	CGTTTTTGTAAACATTTGGGCATCCCATAGTAAGCCGACCCGGTCCGATTCTCAGAT	659			
Sbjct 622	CGTTTTTGTAAACATTTGGGCATCCCATAGTAAGCCGACCCGGTCCGATTCTCAGAT	681			
Query 660	TCTCATATTATCGACCGATTTGTGCGTATATGCATAAATCT	700			
Sbjct 682	TCTCATATTATCGACCGATTTGTGCGTATATGCAGAAATCT	722			

M-4

SECUENCIA CONSENSO:

CGTTTCTTTCTACACGAATATTTTAATTGGAATAGTCTTATTACTCCAAAGAAATCTAGTT
 TCATTTTTTCAAAAAGTAATCCAAGATTATTCTTGTTCCATATATAATTCTCATGTATGTGACT
 ATGAATCCTTCTTCTTTTTTCTCCGTAAGCAATCTTCTCATTACGATTAACATCTTCTGG
 AGTCTTTCTTGAGCGAATATATTTCTATCAAAAAGTAGAAGATCTTGTGCGAAGTCTTGGC
 TAACGATTTTCAGGACATCTTATGGTTGTTCAAGGATCCTTTTCATGCATTCCGTTAGATA
 TCGAGGAAAATATATTCTGGCTTCCAAGGATACGCCTCTTCTAATGAATAAATGGAATA
 TTACCTTGTCAATTTATGGCAATGTCATTTTCACCTGGGGGCTCCACCGGGAAGGGTTC
 ATATAAAGCACTTATACAAGCTTTCTATCAACTTTCTGGGCTATCTTCCAGTGTGCGGC
 TAAATCCTTTGGTGGTACGGAGTCAAATGCTAGAAAATTCATTCTAGTAGACAATGCTC
 TGAAGAAGTTCCGATACAACCGTTCCAATTATTCCTCTGATTGGATCATTGAATAAGG

DESCRIPCIÓN DEL ALINEAMIENTO:

	Description	Scientific Name	Max Score	Total Score	Query Cover	E value	Per. Ident	Acc. Len	Accession
☒	Bursera tomentosa voucher BioBot00310 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera tomentosa	1048	1048	100%	0.0	98.17%	772	JQ587170.1
☒	Bursera palmeri isolate Bm67-1617 chloroplast, complete genome	Bursera palmeri	1042	1042	100%	0.0	98.00%	159872	NC_085820.1
☒	Bursera cuneata isolate Bc507_1919 chloroplast, complete genome	Bursera cuneata	1042	1042	100%	0.0	98.00%	159824	NC_085819.1
☒	Bursera bipinnata isolate Bp131_2919 chloroplast, complete genome	Bursera bipinnata	1037	1037	100%	0.0	97.84%	159865	NC_085818.1
☒	Bursera fagaroides maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera fagaroides	1014	1014	100%	0.0	97.17%	1516	KF224981.1
☒	Bursera fagaroides chloroplast, complete genome	Bursera fagaroides	1014	1014	100%	0.0	97.17%	159786	OQ730224.1
☒	Bursera fagaroides isolate 86 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera fagaroides	1014	1014	100%	0.0	97.17%	1892	AY594462.1
☒	Erythrophysa alata maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Erythrophysa alata	1009	1009	100%	0.0	97.00%	765	KM896887.1
☒	Bursera arborea voucher UNAM-PB-CIECO.1267 maturase K (matK) gene, partial cds: chlorop...	Bursera arborea	1003	1003	100%	0.0	96.84%	864	KM219804.1
☒	Bursera peruvialis voucher BioBot00505 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera peruvialis	1003	1003	100%	0.0	96.84%	772	JQ587161.1
☒	Bursera peruvialis voucher BioBot00507 maturase K (matK) gene, partial cds: chloroplast	Bursera peruvialis	1003	1003	100%	0.0	96.84%	754	JQ587163.1

ALINEAMIENTO DE REFERENCIA:

Bursera tomentosa voucher BioBot00310 maturase K (matK) gene, partial cds; chloroplast					
Sequence ID: JQ587170.1 Length: 772 Number of Matches: 1					
Range 1: 19 to 619 GenBank Graphics			▼ Next Match ▲ Previous Match		
Score	Expect	Identities	Gaps	Strand	
1048 bits(567)	0.0	590/601(98%)	1/601(0%)	Plus/Plus	
Query 1	CGTTTCTTTCTACACGAATATTTTAATTGGAATAGTCTTATTACTCCAAAGAAATCTAGT	60			
Sbjct 19	CGTTTCTTTCTACACGAATATTTTAATTGGAATAGTCTTATTACTCCAAAGAAATCTAGT	78			
Query 61	TTCATTTTTTC - AAAAGTAATCCAAGATTATCTTGTTCTATATAATTCTCATGTATGT	119			
Sbjct 79	TTCATTTTTTC AAAAGTAATCCAAGATTATCTTGTTCTATATAATTCTCATGTATGT	138			
Query 120	GACTATGAATCCTTCTTCTTTTCTCCGTAAGCAATCTTCTCATTACGATTAACATCT	179			
Sbjct 139	GACTATGAATCCATCTTCTTCTTCTCCGTAAGCAATCTTCTCATTACGATTAACATCT	198			
Query 180	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAATATATTTCTATCAAAAAGTAGAAGATCTTGTCGAAGTC	239			
Sbjct 199	TCTGGAGTCTTTCTTGAGCGAATATATTTCTATCGAAAAGTAGAAGATCTTGTCGAAGTC	258			
Query 240	TTGGCTAACGATTTTCAGGACATCTTATGGTTGTTCAAGGATCCTTTCATGCATTCGGTT	299			
Sbjct 259	TTGGCTAACGATTTTCAGGACATCTTATGGTTGTTCAAGGATCCTTTCATGCATTCGTT	318			
Query 300	AGATATCGAGGAAAATATATTCTGGCTTCCAAGGATACGCCTCTTCTAATGAATAAATGG	359			
Sbjct 319	AGATATCGAGGAAAATATATTCTGGCTTCAAAGGATACGCCTCTTCTAATGAATAAATGG	378			
Query 360	AAATATTACCTTGTCAATTTATGGCAATGTCAATTTTACCTGGGGGCTCCACCGGGAAGG	419			
Sbjct 379	AAATATTACCTTGTCAATTTATGGCAATGTCAATTTTACATGTGGTCTCCACCGGGAAGG	438			
Query 420	GTTTCATATAAAGCACTTATACAAGCTTTCTATCAACTTTCTGGGCTATCTTTCAGTGTG	479			
Sbjct 439	GTTTCATATAAAGCACTTATACAAGCTTTCTATCAACTTTCTGGGCTATCTTTCAGTGTG	498			
Query 480	CGGCTAAATCCTTTGGTGGTACGGAGTCAAATGCTAGAAAATTCATTTCTAGTAGACAAT	539			
Sbjct 499	CGGCTAAATCCTTTGGTGGTACGGAGTCAAATGCTAGAAAATTCATTTCTAATAGACAAT	558			
Query 540	GCTCTGAAGAAGTTCGATACAACCGTTCCAATTATTCTCTGATTGGATCATTGAATAAG	599			
Sbjct 559	GCTCTGAAGAAGTTCGATACAACCGTTCCAATTATTCTCTGATTGGATCATTGAATAAG	618			
Query 600	G 600				
Sbjct 619	G 619				

Anexo 3. Panel fotográfico.



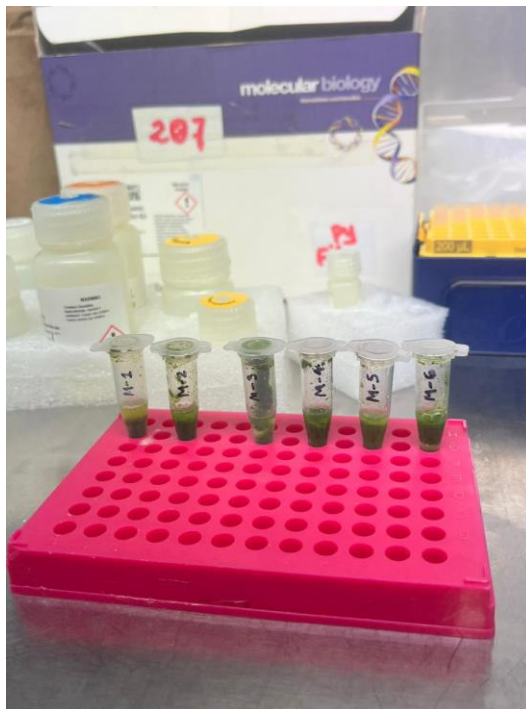
Toma de coordenadas de las especies a coleccionar.



Semilla de *Bursera graveolens*



Recolección de muestras de *Bursera graveolens*



Proceso de extracción de ADN