

ȘCOALA DOCTORALĂ INTERDISCIPLINARĂ

Facultatea de Silvicultură și exploatare forestiere

Liuder Isidoro RODRIGUEZ COCA

Morfologia frunzei și diversitatea genetică a complexului de specii

***Swietenia* în Cuba**

**Leaf morphology and genetic diversity in the *Swietenia* species
complex in Cuba**

REZUMAT

Conducător științific

Prof. Dr. Alexandru Lucian CURTU

BRAȘOV, 2026

INTRODUCERE

Extinderea suprafețelor agricole, exploatarea excesivă a lemnului, acțiunea unor factori perturbatori precum incendiile forestiere afectează grav biodiversitatea pădurilor tropicale și capacitatea acestora de a-și menține funcțiile ecologice. Familia Meliaceae, care are o mare importanță în pădurile tropicale, și în special genul *Swietenia*, prezintă un interes semnificativ din perspectivă ecologică, economică și de conservare. Speciile *Swietenia macrophylla* și *S. mahagoni* au fost exploatate excesiv de-a lungul timpului datorită calității superioare a lemnului lor, ceea ce a contribuit la declinul populațiilor lor și la includerea lor pe lista speciilor pe cale de dispariție din Anexa II a CITES.

La aceasta se adaugă observarea unor exemplare hibride cu morfologie intermediară între *S. mahagoni* și *S. macrophylla* în diverse locații din Caraibe și alte regiuni, ceea ce ridică întrebări suplimentare cu privire la integritatea genetică a speciilor, în special în Cuba, unde *S. macrophylla* a fost introdusă în a doua jumătate a secolului al XX-lea, ca parte a unui proiect de colaborare cu Organizația Națiunilor Unite pentru alimentație și agricultură (FAO) pentru evaluarea capacității productive a acestei specii în condițiile locale din Cuba. Având în vedere că ambele specii sunt apropiate din punct de vedere filogenetic și compatibile din punct de vedere reproductiv, hibridizarea naturală este plauzibilă în locurile în care cele două specii coexistă. Cu toate acestea, amploarea reală a acestui fenomen, precum și efectele sale potențiale asupra integrității și diversității genetice a speciei *S. mahagoni*, rămân în mare parte necunoscute. Această lipsă de informații limitează elaborarea unor măsuri eficiente de conservare și gestionare durabilă a resurselor genetice de mahon din Cuba. Prin urmare, prezenta cercetare se concentrează pe evaluarea variabilității morfologice și genetice, ca bază pentru studierea acestor procese și furnizarea de informații pentru utilizarea și conservarea acestor specii de arbori de mare importanță ecologică și economică

CAPITOLUL 1. Considerații introductive

1. 1. Genul *Swietenia*

Genul *Swietenia* (Meliaceae) cuprinde trei specii neotropicale (*S. mahagoni*, *S. macrophylla* și *S. humilis*), răspândite de la sudul Floridei și Caraibe până în America Centrală și de Sud (Danquah et al., 2019). Acestea se caracterizează prin frunze compuse, semințe înaripate și lemn de mare valoare comercială cunoscut sub numele de mahon (Khare, 2007). În condiții favorabile, ating maturitatea în jurul vârstei de 12 ani (Weaver, 1997).

Exploatarea intensivă de-a lungul secolelor, motivată de calitatea superioară a lemnului său, a dus la reducerea populațiilor naturale și la degradarea habitatelor (Leao et al., 2018). Ca răspuns, comerțul internațional a fost reglementat prin CITES (1973), cu scopul de a preveni supraexploatarea (Wardell, 2023). Cu toate acestea, interesele economice au întârziat includerea acestor specii; *S. macrophylla* a fost inclusă în Anexa II în 2003, în timp ce *S. mahagoni* avea deja un istoric de vulnerabilitate (Rodan & Blundell, 2003; Oldfield, 2013). În ciuda acestui fapt, exploatarea ilegală continuă să reprezinte o proporție semnificativă a comerțului (Blundell, 2004).

Deși CITES a favorizat progrese în materie de reglementare și trasabilitate, persistă limitări în identificarea lemnului. În acest sens, tehnici precum NIRS și markerii moleculari au fost propuse pentru a îmbunătăți controlul comerțului (de Palacios et al., 2020). Cu toate acestea, eficacitatea lor depinde de consolidarea informațiilor privind dinamica populațională și diversitatea genetică (Oldfield, 1988). În acest context, prezentul studiu se concentrează asupra *S. mahagoni* și *S. macrophylla*, specii de mare importanță în Cuba, unde coexistă în arborete amestecate.

1.1.1. *S. mahagoni* and *S. macrophylla*

Swietenia mahagoni și *S. macrophylla* sunt componente cheie ale ecosistemelor tropicale și au fost intens exploatate datorită valorii ridicate a lemnului lor. Ele diferă în ceea ce privește arealul și cerințele ecologice.

S. mahagoni, cunoscută sub numele de mahon cubanez, este o specie de dimensiuni mai mici (până la 20 m), răspândită în Caraibe, sudul Floridei și în anumite părți din America Centrală (Figura 1.1), asociată în principal cu pădurile uscate și subumede, cu preferință pentru solurile calcaroase (Gilman & Harchick, 2014; He et al., 2020; Whitmore, 2003).

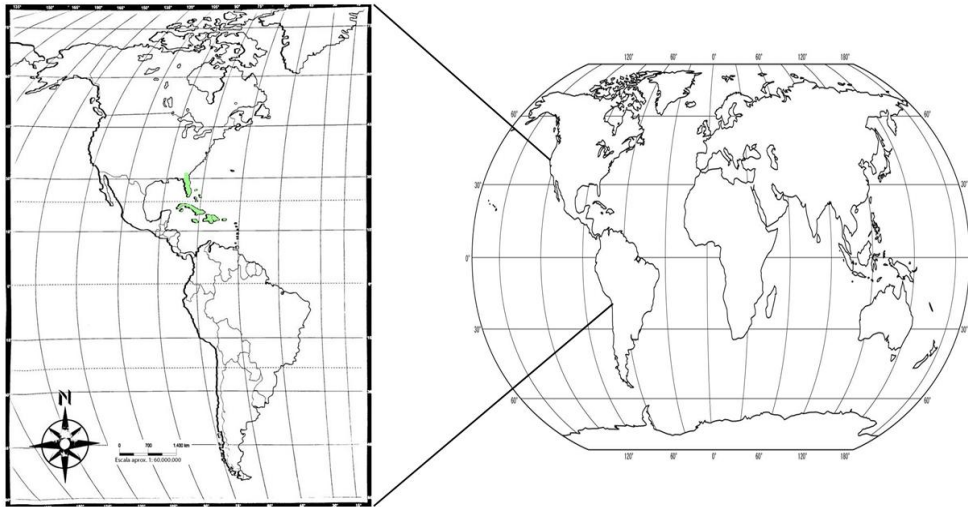


Figura 1.1. Arealul natural al speciei *S. mahagoni* (He et al., 2020).

Prin contrast, *S. macrophylla* prezintă o distribuție mai extinsă, din Mexic până în bazinul Amazonului (Figura 1.2), atinge peste 40 m înălțime și se dezvoltă în principal în păduri umede, prezentând o plasticitate ecologică mai mare (Paiva, 2011; Grogan et al., 2011).

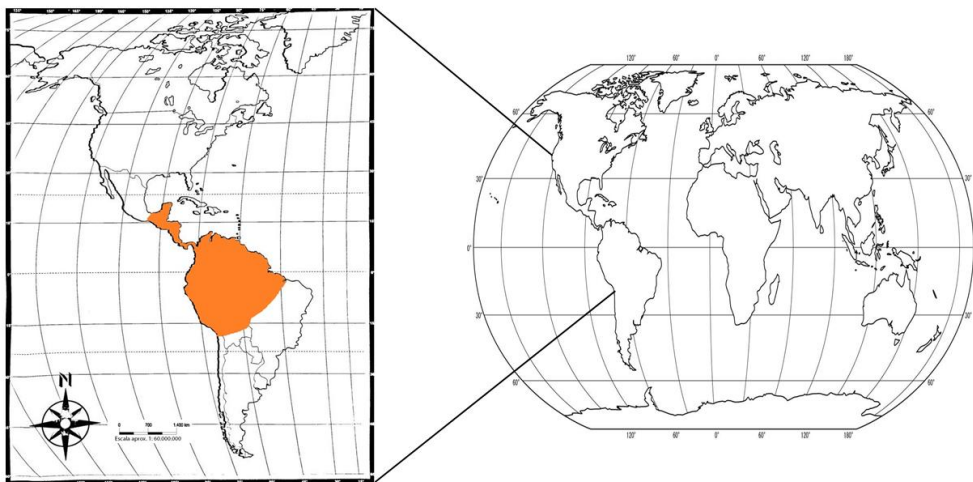


Figura 1.3. Arealul natural al speciei *S. macrophylla* (Grogan & Barreto, 2005; Sampayo-Maldonado et al., 2021).

Ambele specii au fost utilizate pe scară largă în industria lemnului, dar tăierea selectivă a afectat negativ structura genetică a populațiilor lor (Francis, 1995; Puentes et al., 2002; Braga et al., 2011). Coexistența lor a favorizat procese de hibridare naturală, dând naștere la forme intermediare (MIF) cu caracteristici morfologice mixte (Ewel & Whitmore, 1973; Helgason et al., 1996; Nelson et al., 2020).

Acești hibrizi pot prezenta avantaje adaptative, precum o creștere mai mare și o combinație de trăsături funcționale ale ambelor specii (Evaristo et al., 2016; Timyan, 1979). Cu toate acestea, baza lor genetică rămâne puțin cunoscută, ceea ce limitează înțelegerea rolului lor în dinamica populațională și integritatea genetică a speciilor parentale.

1.2. Studii privind morfologia frunzelor

Morfologia frunzelor constituie un instrument esențial pentru identificarea taxonomică și studiul variabilității intra- și interspecifice la speciile forestiere (Jennings et al., 2001). În genul *Swietenia*, frunzele sunt compuse, alterne și, în general, penate, cu variații în ceea ce privește numărul, dimensiunea și forma foliolelor (Yadav et al., 2015).

Diferențele dintre *S. mahagoni* și *S. macrophylla* sunt deosebit de evidente la nivelul frunzelor. *S. mahagoni* prezintă frunze mai mici (10–30 cm) cu 2–5 perechi de foliole, în timp ce *S. macrophylla* dezvoltă frunze de dimensiuni mai mari (până la 45 cm) cu 3–6 perechi de foliole mai mari și asimetrice (Collado López, 2006; Khare, 2007). Aceste variații reflectă adaptări la condiții de mediu diferite.

Morfologia foliară este, de asemenea, influențată de factori ecologici, prezentând plasticitate în funcție de habitat, ceea ce face ca frunzele să fie indicatori sensibili ai adaptării și potențiali descriptori ai hibridizării (Puentes et al., 2002). În acest sens, variabile precum lungimea rahisului (RL), numărul de foliole (NL), lungimea pețiolului (PL), lungimea și lățimea foliole (LL, LW) și numărul de nervuri (NV) s-au dovedit utile pentru diferențierea specifică și analiza variabilității (Styles & Khosla, 1976; Pennington et al., 2009). Cu toate acestea, studiile sistematice asupra populațiilor naturale rămân limitate.

1.3. Diversitatea genetică la speciile din genul *Swietenia*

Diversitatea genetică este esențială pentru adaptarea și supraviețuirea speciilor forestiere în fața schimbărilor de mediu (Degen & Sebbenn, 2014). În cazul genului *Swietenia*, s-au semnalat niveluri ridicate de diversitate în populațiile naturale neperturbate, în timp ce fragmentarea și exploatarea forestieră selectivă au dus la o reducere a diversității și la o creștere a consangvinizării (Lemes, 2000; de Oliveira, 2018).

Structura genetică arată o diferențiere moderată între populații, asociată frecvent cu izolarea bazată pe distanță, și un sistem de reproducere predominant alogam, deși există dovezi de consangvinizare în populațiile fragmentate (Gillies et al., 1999; Lemes et al., 2003; Novick et al., 2003).

Utilizarea markerilor moleculari, cum ar fi microsateliții, ADN-ul plastidial și SNP-urile, a permis o înțelegere mai profundă a variabilității genetice, a fluxului genetic și a structurii populației, servind ca instrumente cheie pentru conservare și gestionare durabilă (Oliveira et al., 2006; Höltsken et al., 2012).

Cu toate acestea, în timp ce *S. macrophylla* a fost studiată pe larg, informațiile genetice privind *S. mahagoni* și hibridii săi rămân limitate. În Cuba, coexistența celor două specii oferă o oportunitate unică de a studia aceste procese, deși lipsa informațiilor privind originea germoplasmei și declinul

populațiilor constituie constrângeri semnificative. În acest context, este necesară implementarea unor abordări integrate care să combine analizele morfologice și genetice pentru a înțelege variabilitatea, a detecta hibridizarea și a sprijini strategiile de conservare și gestionare durabilă.

1.4. Scopul și obiectivele cercetărilor

Obiectivul general al studiului a fost acela de a contribui la cunoașterea variabilității morfologice și genetice a genului *Swietenia* în Cuba, în vederea fundamentării strategiilor de conservare și gestionare durabilă pentru aceste specii, în conformitate cu liniile directoare stabilite de CITES.

Obiectivele specifice au fost:

O1: Diferențierea între cele două specii de *Swietenia* și identificarea unor forme intermediare pe baza descriptorilor morfologici ai frunzelor

O2: Evaluarea diversității genetice la nivelul ADN-ului cloroplastic în arborete pure și amestecate de *S. macrophylla* și *S. mahagoni*

O3: Caracterizarea diversității genetice la nivelul ADN-ului nuclear și a gradului de hibridizare între *S. macrophylla* și *S. mahagoni*

CAPITOLUL 2. Material și metode

2.1. Localizarea cercetărilor

Pentru alegerea zonei de studiu s-au consultat documente de arhivă și s-a luat în calcul distribuția actuală a pădurilor cu mahon din Cuba. Conform lui Puentes et al. (2002), s-a confirmat prezența istorică a speciei *S. mahagoni* în Sancti Spíritus (Cuba), în timp ce căutarea speciei *S. macrophylla* a permis identificarea doar a unei populații, din cauza unor factori precum gestionarea inadecvată, tăierile ilegale, factori perturbatori și urbanizarea.

Zona de studiu, situată în Sancti Spíritus (Figura 2.1), a inclus cinci locații: două populații naturale de *S. mahagoni* (Guira și Modelo), o plantație de *S. macrophylla* (Colón) și două arborete amestecate (Banao și Emigdio), unde s-au observat forme intermediare, sugerând existența hibridării naturală. Regiunea prezintă un climat tropical sezonier, cu un sezon uscat (noiembrie–aprilie) și unul ploios (mai–octombrie) (INSMET, 2026).

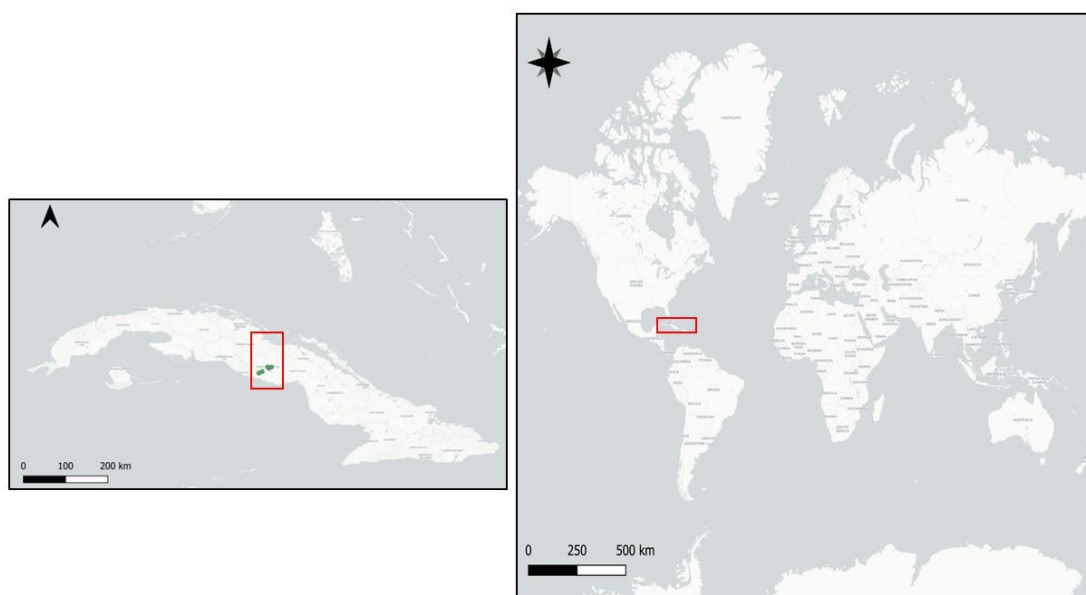


Figura 2.1. Localizarea cercetărilor în Cuba.

Au fost eșantionați 357 de arbori, eșantionarea fiind realizată între martie și mai 2023, menținând distanțe de 5–10 m între arborii eșantionați. Populațiile de *S. mahagoni* provin din regenerare naturală (cu vârsta de aprox. 30 de ani), în timp ce *S. macrophylla* provine dintr-o plantație înființată între 1969–1970 (apr. 55 de ani). Arboretele amestecate (≈ 42 de ani) sugerează existența unor procese de hibridare (Table 2.1).

Table 2.1. Indivizi selectați pe populații.

Abreviere	Regiune	Populația	Specia	N	Nc	Latitudine/Longitudine
SG-A	Guira	Stand A	<i>S. mahagoni</i>	80	16	21.78942/-79.64634

SM-B	Modelo	Stand B	<i>S. mahagoni</i>	80	16	21.89687/-79.41949
SC-C	Colon	Stand C	<i>S. macrophylla</i>	17	16	21.91925/-79.44355
MB-D	Banao	Stand D	Arboret amestecat	90	16	21.82337/-79.56849
ME-E	Emigdio	Stand E	Arboret amestecat	90	16	21.91972/-79.35641

Notă: Mărimea eşantionului (N). Mărimea eşantionului pentru analiza ADN-ului cloroplastic (Nc).

Probele foliare au fost conservate la -60°C , iar ADN-ul genomic a fost extras prin protocolul CTAB al lui Doyle & Doyle (1987), cuantificat prin spectrofotometrie (NanoDrop 8000) și stocat la -20°C .

2.2. Analiza morfometrică a frunzelor

Pentru fiecare individ au fost selectate trei frunze din partea estică al coroanei, cu scopul de a minimiza erorile sistematice asociate expunerii la lumină și capacității fotosintetice (Gillies et al., 1999; Apostol et al., 2017), fiind analizate în total 771 de frunze.

Eșantionarea a luat în considerare stratificarea verticală a coronamentului (superior, mediu și inferior) și s-a limitat la frunze mature și complet dezvoltate, reducând variabilitatea legată de țesuturile în creștere. Toate măsurătorile au fost efectuate pe frunze proaspete imediat după recoltare.

Au fost evaluate următoarele caracteristici morfometrice: lungimea rahisului (RL), numărul de foliole (NL), lungimea pețiolului (PL), lungimea (LL) și lățimea (LW) foliolelor, precum și numărul de nervuri (NV) (Figura 2.2). Pe baza acestor date, s-a efectuat o analiză a descriptorilor morfologici (MDA), urmând criteriile stabilite în literatura de specialitate (Montiel et al., 2020; Cocuzza et al., 2021).

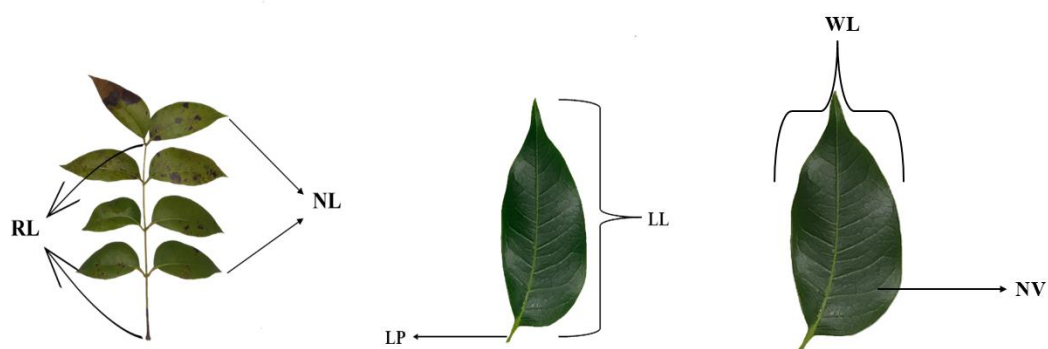


Figura 2.2. Reprezentarea grafică a caracteristicilor evaluate (Rodriguez et al., 2024).

Analiza statistică a fost realizată cu ajutorul programelor IBM SPSS Statistics v20.0 (2011) și STATISTICA v8.0 (StatSoft, 2008). Testul t Student a fost aplicat pentru a evalua diferențele dintre specii, după verificarea prealabilă a omogenității varianțelor folosind testul Levene; în cazul în care această ipoteză nu a fost îndeplinită, s-a utilizat testul Welch. În plus, s-au efectuat o analiză a varianței (ANOVA) și o analiză discriminantă (DA) pentru a diferenția speciile și a identifica forme intermediare. În final, s-a aplicat o analiză de tip cluster (CA) pentru a evalua relațiile dintre populații.

2.4. Analiză genetică

2.4.1. Analiza ADN-ului cloroplastic

Variația ADN-ului cloroplastic a fost evaluată folosind trei microsateliți universali (ccmp4, ccmp7 și ccmp10) dezvoltati de (Weising & Gardner (1999). Amplificarea s-a realizat prin PCR folosind primeri fluorescenți, iar fragmentele rezultate au fost separate prin electroforeză capilară.

Reacțiile PCR au fost efectuate într-un volum de 15 μ l în condiții standard, iar produsele amplificate au fost analizate pe un sistem GenomeLab GeXP (Beckman Coulter). Polimorfismele au fost determinate pe baza variațiilor dimensiunii fragmentelor.

Parametrii diversității genetice (h_s , h_t , G_{ST} și R_{ST}) au fost estimați folosind programul PERMUT (Pons & Petit, 1996). Structura genetică a fost evaluată folosind AMOVA în GenAlEx 6.5 (Smouse & Peakall, 2012), în timp ce distanțele genetice au fost calculate conform Nei (1987). Structura filogeografică a fost analizată folosind SPAGEDI (Hardy, 2003), iar relațiile dintre haplotipurile cloroplastice au fost reconstituite folosind rețele de tip median-joining (Bandelt et al., 1999).

Relațiile dintre populații au fost reprezentate folosind dendrograma UPGMA (Hammer et al., 2001), cu suport bootstrap de 1000 de replicări. În final, corelația dintre distanțele genetice și geografice a fost evaluată folosind testul Mantel (Mantel, 1967).

2.4.2. Analiza ADN-ului nuclear

Diversitatea genetică nucleară a fost analizată folosind opt microsateliți specifici (SSR) (Lemes et al., 2002), grupați în două reacții multiplex (Tabelul 2.2). Calitatea datelor a fost evaluată cu ajutorul programului MICROCHECKER (Van Oosterhout et al., 2004), care a detectat frecvențe scăzute ale alelelor nule; prin urmare, toți locii au fost păstrați pentru analizele ulterioare.

Table 2.2. Caracteristicile celor 8 loci microsatelitari (Lemes et al. 2002).

SSR locus	Repeat	P.S (5'-3')	P.C (μ M)	A.Rs (pb)	A	Ho	He	Q	I
Sm01	(AG)19	5'-GCGCGATTGATTGACTTC-3'	1.25	261-295	17	0.65	0.80	0.65	0.06

		5'-GCGCTTAGCATTATTCTCC-3'							
Sm31	(AG)31	5'-CTTCTAATGTTCTGATGCCTG-3' 5'-AGCAACTCGTGAGGAATTTAC-3'	2.0	80-138	25	0.85	0.94	0.87	0.09
Sm32	(AG)20	5'-CACCTTATGTACACCACACAG-3' 5'-GAAGGAGACACCAGCAATC-3'	2.0	146-184	15	0.74	0.91	0.81	0.02
Sm40	(AG)19	5'-TGCTACTGTCAAGAGTGTAT-3' 5'-GACAAACATGTACCACAAG-3'	2.0	120-146	13	0.69	0.75	0.56	0.10
Sm45	(AG)21	5'-CCTTATGTTACCACACAGTA-3' 5'-GAGACACCAGCAATCCAG-3'	1.25	140-178	15	0.89	0.91	0.81	0.02
Sm46	(AG)20	5'-GCAGTACTCGCCTATCTTCA -3' 5'-TGAGAACTGCAGAATCCTTT-3'	2.0	190-226	17	0.83	0.88	0.77	0.03
Sm47	(AG)24	5'-GCCATTGGTCTCAATCTTAC-3' 5'-GGAAGAGTCTTAGAACACAG-3'	2.0	114-150	11	0.73	0.84	0.69	0.05
Sm51	(AG)22	5'-GCAATTTCCAGAAGAAACC-3' 5'-CTGTAGGCGATAACAATCAG-3'	2.0	138-182	19	0.86	0.88	0.76	0.03

Notă: denumirea locusului SSR, secvențele primerilor, înainte și înapoi (P.S), concentrația primerilor (μM), intervalul de dimensiuni alelice (bp), numărul de alele detectate pe locus (A), heterozigoția observată (H_o), heterozigoția așteptată (H_e), probabilitatea de excludere a paternității (Q) și probabilitatea identității genetice (I).

Structura populației a fost analizată folosind programul STRUCTURE v2.3.4 (Pritchard et al., 2000), pe baza unui model mixt cu frecvențe alelice corelate. Au fost evaluate valori K cuprinse între 1 și 5, cu multiple repetări, iar numărul optim de grupuri a fost determinat folosind metoda ΔK (Evanno et al., 2005). Indivizii au fost clasificați în funcție de coeficienții lor de apartenență (q), cei cu $q \geq 0,90$ fiind considerați puri.

Programul NEWHYBRIDS (Anderson & Thompson, 2002) a fost utilizat pentru a încadra indivizii în categorii genetice (parentali, F1, F2 și forme introgressive), aplicând praguri de probabilitate de $\geq 0,90$ și $\geq 0,80$.

Diversitatea genetică a fost evaluată folosind indici standard (H_e , H_o , FIS), iar diferențierea genetică a fost estimată folosind F_{ST} și AMOVA. Au fost efectuate analize suplimentare excluzând indivizii hibridi, fără a se observa schimbări semnificative în modelele generale.

În final, structura genetică spațială (SGS) a fost analizată folosind autocorelația spațială multilocus (Smouse & Peakall, 1999), estimând statistica S_p (Vekemans & Hardy, 2004) pentru a cuantifica intensitatea structurii genetice la scară mică.

CAPITOLUL 3: Analiza morfologiei frunzelor

3.1. Variația morfologică a frunzelor și diferențierea între specii

Comparațiile morfometrice între *S. mahagoni* și *S. macrophylla* au evidențiat diferențe semnificative din punct de vedere statistic ($p \leq 0,05$) pentru toate variabilele analizate. *S. macrophylla* a prezentat valori superioare la toate caracteristicile, remarcându-se lungimea rahisului (cu $\approx 79\%$ mai mare), lungimea și lățimea folioarelor ($\approx 71\%$ și 66%), precum și numărul nervurilor ($\approx 39\%$). De asemenea, numărul de foliole și lungimea pețiolului au prezentat creșteri semnificative ($\approx 44\%$ și 31%), confirmând o diferențiere morfologică considerabilă între cele două specii.

Cele mai mari deosebiri au fost observate la lungimea rahisului (34,39 cm) și a foliolelor (11,16 cm), urmate de lățimea frunzelor și numărul nervurilor, ceea ce întărește valoarea discriminantă a acestor caractere.

Analiza componentelor principale (PCA) a arătat că prima axă a explicat 78,28% din variația totală, dominată de lungimea rahisului și a foliolelor, în timp ce a doua axă (10,32%) a fost asociată în principal cu lungimea pețiolului (Figura 3.1). La rândul său, analiza discriminantă a identificat lungimea foliolelor (LL) ca variabilă cu cea mai mare putere discriminantă (λ parțial Wilks = 0,85; $p < 0,05$), generând funcția $\text{Root 1} = 581,9 - 79,39 \cdot \text{LL}$, care a permis o separare clară între specii. Pe baza acestei funcții, formele morfologice intermediare (MIF) s-au situat într-un interval specific ($-1,4$ până la -4), utilizat ca criteriu pentru clasificarea indivizilor din arborete mixte, evidențiind poziția lor intermediară între cei doi taxoni.

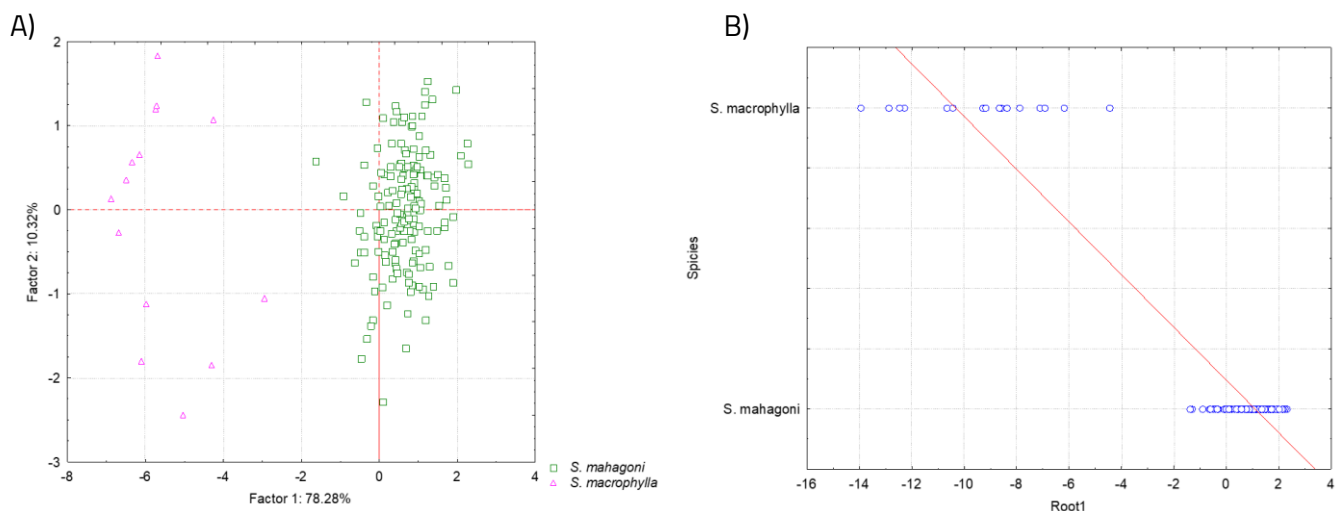
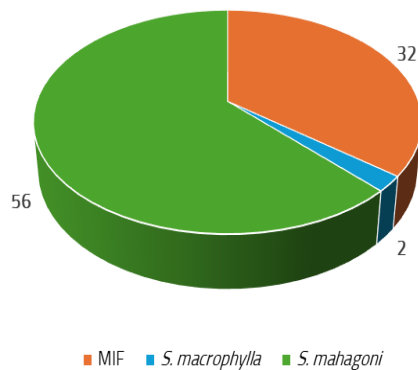


Figura 3.1. A) Analiza componentelor principale și B) Analiza discriminantă realizată exclusiv pe cele două specii pure *S. mahagoni* și *S. macrophylla* (Rodriguez et al., 2024).

Aplicarea funcției discriminante a permis clasificarea indivizilor din arborete amestecate. În Emigdio, din 90 de indivizi, 56 au fost încadrați în *S. mahagoni*, 2 în *S. macrophylla* și 32 în forme intermediare (MIF), în timp ce în Banao au fost identificați 8, 46 și, respectiv, 39 de indivizi, evidențiind diferențe în compoziția celor două locații (Figura 3.2).

A)



B)

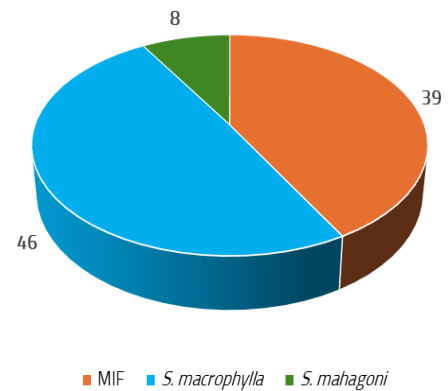


Figura 3.2. Clasificarea indivizilor din fiecare arboret amestecat A) Emigdio și B) Banao

Ulterior, analiza componentelor principale (PCA), incluzând cele trei categorii, a arătat că prima axă a explicat 69,56% din variația totală, dominată de lungimea rahisului și a foliolei (Figura 3.3A), în timp ce a doua (15,69%) a fost asociată în principal cu lungimea pețiolului. Analiza discriminantă a confirmat că lungimea foliolei, numărul de nervuri, lățimea foliolei și lungimea pețiolului au fost variabilele cu cea mai mare putere discriminantă (λ de Wilks = 0,14–0,21), evidențiind lungimea foliolei ca principal descriptor, în concordanță cu criteriul lui Fisher (1936).

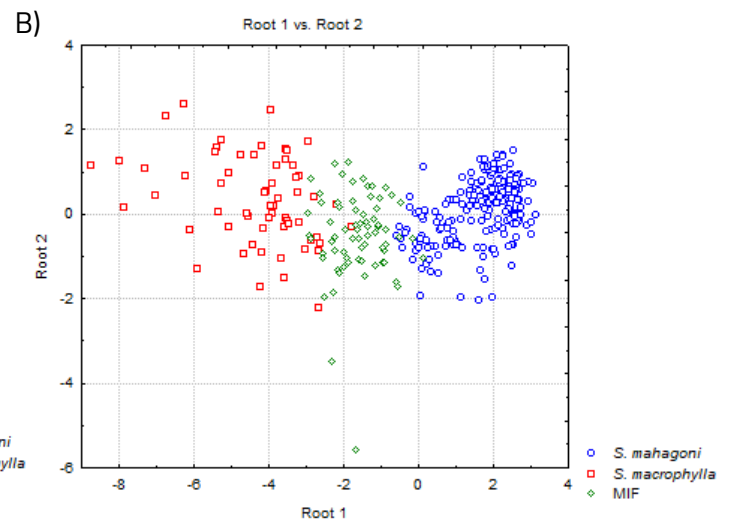
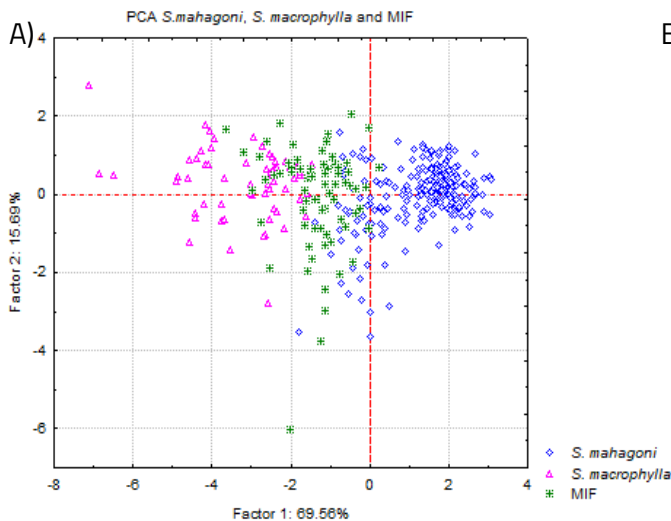


Figura 3.3. A) PCA și B) DA cu cele două specii și MIF (Rodriguez et al., 2024)

S-au obținut două funcții discriminante (Figura 3.3B), unde Root 1 a explicat 98,61% din varianță și a permis separarea clară a *S. mahagoni* de restul, în timp ce Root 2 a distins formele intermediare. Distribuția indivizilor a evidențiat o separare clară între grupuri: *S. mahagoni* cu valori pozitive în ambele funcții, *S. macrophylla* cu valori negative în Root 1 și pozitive în Root 2, iar MIF cu valori negative în ambele, reflectând poziția lor intermediară. În total, au fost analizați 357 de indivizi, iar clasificarea a atins o precizie ridicată (94,96%). Alocarea finală a inclus 220 de indivizi de *S. mahagoni*, 54 de *S. macrophylla* și 83 de MIF, cu erori de clasificare reduse (2,68%, 14,52% și, respectiv, 4,23%), confirmând robustețea analizei discriminante pentru caracterizarea morfologică.

3.3. Gruparea populațiilor în funcție de caracteristicile morfometrice ale frunzelor

Populațiile corespunzătoare ambelor specii, împreună cu arborete amestecate, au fost inițial grupate într-un cluster primar. La acest prim nivel de grupare, se observă o separare clară între *S. mahagoni* și *S. macrophylla*, ceea ce indică un nivel adecvat de discriminare între populațiile celor două specii și arborete amestecate. Această diferențiere se bazează pe cinci dintre cele șase caractere morfologice evaluate cu putere de discriminare (RL, PL, LL, WL și NN), care au prezentat diferențe semnificative din punct de vedere statistic ($p \leq 0,05$). Ca rezultat, s-a obținut o segregare consistentă între populațiile celor două specii de mahon și arborete amestecate (Figura 3.4).

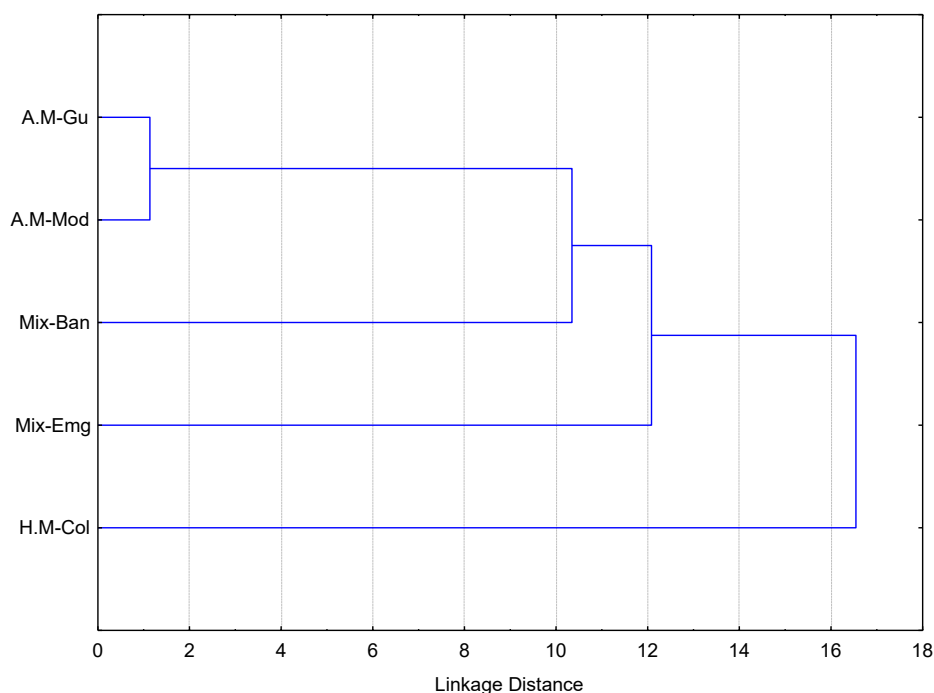


Figura 3.4. Analiza cluster. În această figura, A.M este *S. mahagoni* (Guira și Modelo), H.M este *S. macrophylla*, iar Mix este arborete amestecate (Banao și Emigdio) (Rodriguez et al., 2024).

CAPITOLUL 4: Diversitatea ADN-ului cloroplastic

4.1. Haplotipuri de ADN cloroplastic

Analiza a evidențiat un total de 11 haplotipuri de ADN cloroplastic, identificate cu ajutorul markerilor ccmp10, ccmp4 și ccmp7 (Tabelul 4.1), distribuite în cele cinci populații studiate. Haplotipul H02 a fost cel mai frecvent, fiind prezent în toate populațiile și reprezentat de 49 de indivizi, urmat de H06 cu 15 indivizi (Tabelul 4.1). Arboret amestecat ME-E a prezentat cea mai mare diversitate de haplotipuri, conținând 9 dintre cele 11 haplotipuri detectate, în timp ce celelalte populații au prezentat o variabilitate genetică mai redusă, majoritatea indivizilor fiind concentrați în câteva haplotipuri dominante. În ceea ce privește comportamentul markerilor, ccmp10 și ccmp4 au prezentat variații minime, în timp ce ccmp7 a contribuit cel mai mult la diferențierea observată.

În cele cinci populații de *Swietenia* studiate ($n = 80$), la cei trei loci cpSSR, s-au observat în total unsprezece alele. Locii ccmp4 și ccmp7 au prezentat cea mai mare bogăție alelică, ccmp7 înregistrând cel mai mare număr efectiv de alele ($N_e = 1,80$). În același timp, ccmp4 a prezentat cel mai mare indice de informație ($I = 0,59$) și diversitate de haplotipuri ($H = 0,39$). Valorile medii pentru I și H au fost de 0,36 și, respectiv, 0,20, indicând un nivel moderat de variație genetică cloroplastică în cadrul populațiilor analizate.

Arboret amestecat ME-E a prezentat cele mai mari valori atât pentru numărul de alele ($N_a = 3,67$), cât și pentru numărul efectiv de alele ($N_e = 2,57$) dintre populațiile analizate. În schimb, arboret amestecat SM-B și populația SC-C (*S. macrophylla*) au prezentat cea mai scăzută bogăție alelică ($N_a = 1,33$), SC-C înregistrând, de asemenea, cel mai scăzut N_e (1,09) (Tabelul 4.1). Indicele de informație genetică (I) a urmat o tendință similară, variind de la 0,13 în SC-C la 0,93 în ME-E, evidențiind diversitatea genetică cloroplastică mai mare prezentă în arboret amestecat ME-E în comparație cu celelalte populații.

Tabelul 4.1. Diversitatea genetică a populațiilor de *Swietenia* din Sancti Spiritus, determinată pe baza locilor microsatelitari cloroplastici (Rodriguez et al. 2026)

Populația	N	N_a	N_e	I	h
SG-A	16	1.67 (± 0.68)	1.22 (± 0.22)	0.24 (± 0.24)	0.13 (± 0.13)
SM-B	16	1.33 (± 0.33)	1.29 (± 0.29)	0.22 (± 0.22)	0.16 (± 0.16)
SC-C	16	1.33 (± 0.33)	1.10 (± 0.09)	0.13 (± 0.13)	0.07 (± 0.07)

MB-D	16	2.00 (± 0.58)	1.24 (± 0.13)	0.32 (± 0.16)	0.18 (± 0.09)
ME-E	16	3.67 (± 1.20)	2.57 (± 1.10)	0.93 (± 0.38)	0.47 (± 0.17)
Media		2.00 (± 0.35)	1.48 (± 0.25)	0.36 (± 0.12)	0.20 (± 0.07)

Notă: Numărul observat de alele pe locus (Na); Numărul mediu de alele efective (Ne); Indicele de informație al lui Shannon (I); Diversitatea haplotipică (h); $\pm$ erori standard între paranteze. Abrevierile sunt definite în Tabelul 2.1.

Diversitatea genetică medie (h) pentru cei trei loci cpSSR din populațiile de *Swietenia* din Cuba a fost de 0,20, ceea ce reflectă un nivel semnificativ de variație cloroplastică. În ansamblu, aceste rezultate indică faptul că cei trei markeri cpSSR au prezentat un grad ridicat de polimorfism în cadrul populațiilor studiate.

Analiza cpSSR a 80 de indivizi de mahon a relevat 11 haplotipuri, dintre care opt erau unice (72,73%). La nivel de populație, arboret amestecat ME-E a prezentat cea mai mare unicitate a haplotipurilor, conținând șase haplotipuri private (haplo-1, -4, -5, -9, -10 și -11). În schimb, populațiile SG-A (*S. mahagoni*), SM-B (*S. mahagoni*) și SC-C nu aveau haplotipuri exclusive (Tabelul 4.3), indicând o diferențiere cloroplastică mai redusă în aceste locații.

Tabelul 4.3 Indici de diversitate ai haplotipurilor cpSSR pentru 5 populații (Rodriguez et al. 2026).

Populație	A	P	Ne	Rh	H _{CP}	D ² _{sh}
SG-A	3	0	1.66	2.00	0.43	0.24
SM-B	2	0	1.88	1.00	0.50	0.17
SC-C	2	0	1.28	1.00	0.23	0.08
MB-D	4	2	1.71	3.00	0.44	1.09
ME-E	9	6	6.10	8.00	0.89	69.68
Media	4.00	1.60	2.53	3.00	0.50	14.25

Notă: Numărul de haplotipuri (A); Numărul de haplotipuri private (P); Numărul efectiv de haplotipuri (Ne); Bogăția haplotipică (Rh); Diversitatea haplotipurilor (H_{CP}); Distanța genetică medie între indivizi (D²_{sh}). Abrevierile sunt definite în Tabelul 2.1.

Haplotipurile 2 și 7 au fost larg răspândite în rândul celor cinci populații studiate (Figura 4.1). În mod deosebit, haplotipul 2 a fost cel mai frecvent în populația SC-C, reprezentând 28,7% din indivizii eșantionați. Haplotipul 8, pe de altă parte, a fost identificat doar în două dintre cele cinci populații. Arboret amestecat ME-E a prezentat cea mai mare bogăție de haplotipuri, cu nouă haplotipuri identificate (haplo-1, -2, -4, -5, -6, -8, -9, -10 și -11), indicând o variabilitate substanțială a ADN-ului

cloroplastic în cadrul acestei populații. Valorile diversității haplotipurilor (H_{CP}) au variat între 0,23 și 0,89 în rândul populațiilor, ME-E prezentând din nou cea mai mare valoare (Tabelul 4.3). Numărul efectiv de haplotipuri a variat între 1,28 și 6,10, în timp ce distanța genetică medie între indivizi a variat de la 0,08 în SC-C la 69,68 în ME-E. Pentru a oferi o evaluare mai cuprinzătoare a variației intrapopulaționale, a fost calculată și distanța genetică medie între indivizi (D^2_{sh}), incorporând atât frecvențele haplotipurilor, cât și diferențele de mărime ale alelelor (Goldstein et al. 1995; Slatkin 1995).

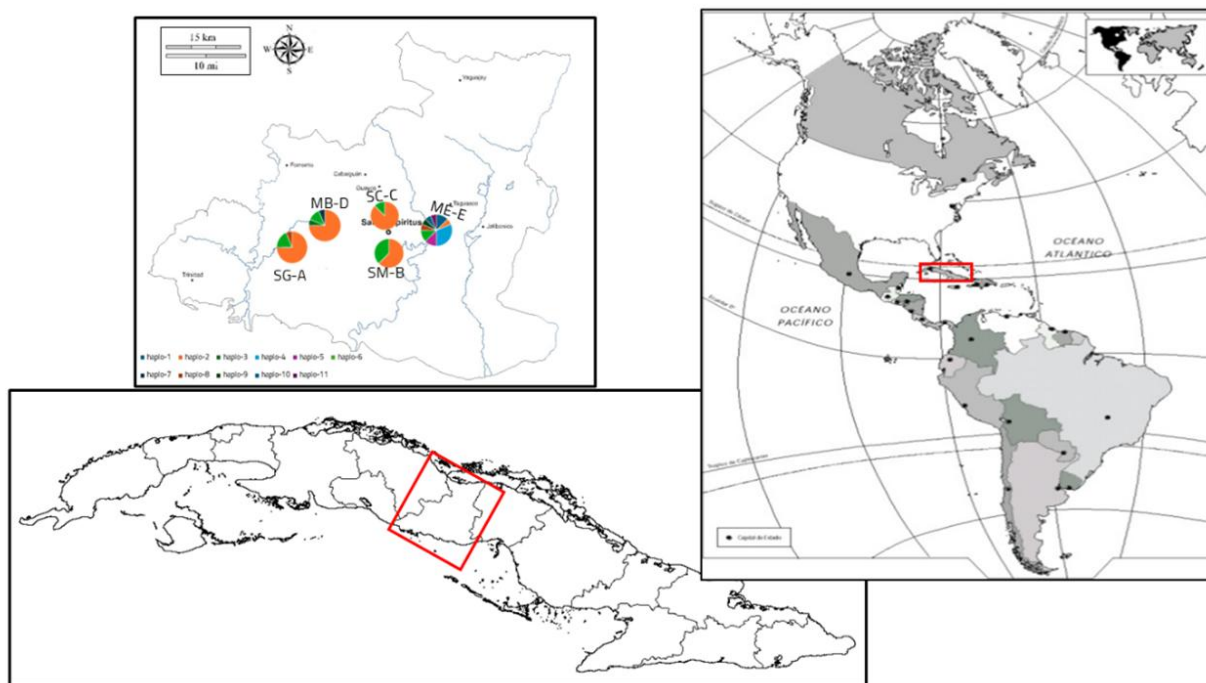


Figura 4.1. Distribuția geografică a celor 11 haplotipurilor cpSSR (pentru explicația abrevierilor, a se vedea Tabelul 2.1)

Distanțele genetice dintre populații au variat de la 0,019 (SG-A vs. MB-D) la 0,777 (MB-D vs. ME-E), reflectând diferite niveluri de divergență cloroplastică. AMOVA a arătat că 41% din variația totală se datora diferențelor dintre populații, cu o diferențiere intrapopulațională și mai mare ($\Phi_{IPT} = 59\%$, $p > 0,05$). Populația ME-E a prezentat cea mai mare bogăție de haplotipuri (nouă), evidențiindu-se ca fiind cea mai diversă la nivel de ADN cloroplastic (Figura 4.2). În general, diversitatea haplotipurilor concentrându-se în principal în arboretele amestecate (81,8% în ME-E și 36,4% în MB-D). Deși markerii cloroplastici nu au diferențiat complet speciile, aceștia au evidențiat o variație substanțială între populații.

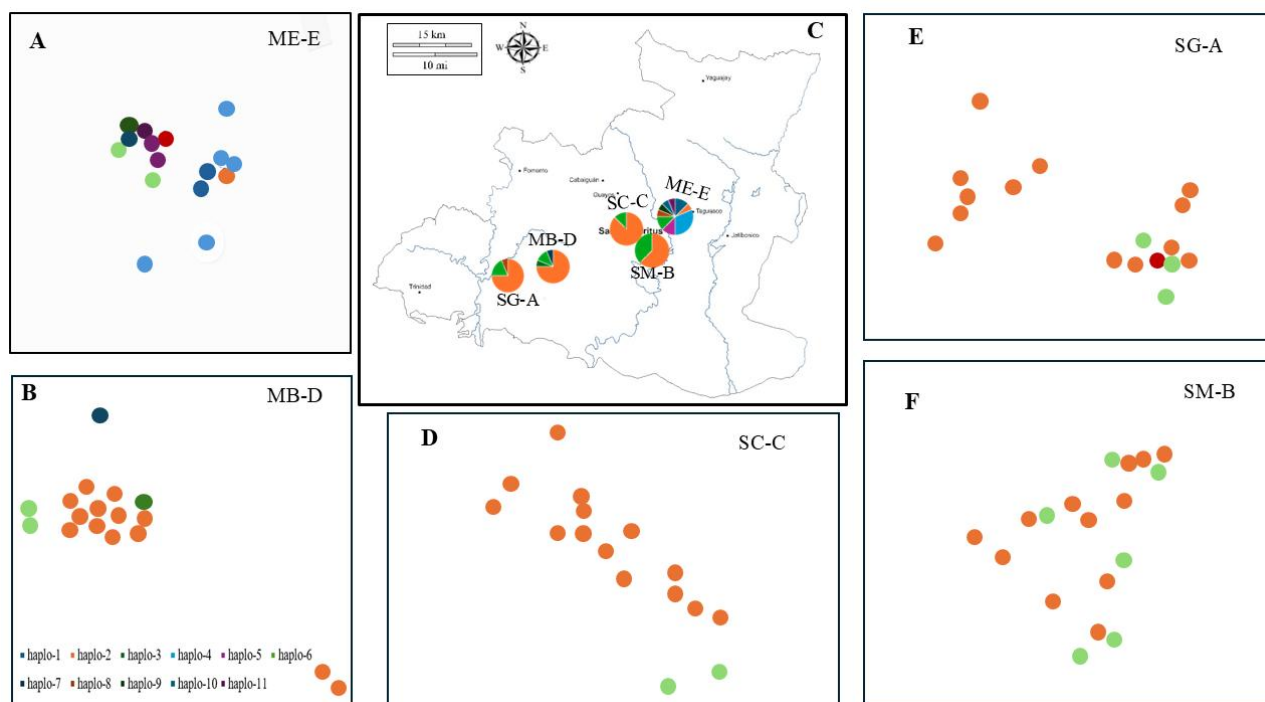


Figura 4.2. Structura genetică spațială a ADN-ului cloroplastic în fiecare populație studiată în Cuba. Abrevierile populațiilor sunt definite în Tabelul 2.1 (Rodriguez et al. 2026). Clasificarea exemplarelor în funcție de specie s-a bazat pe descriptorii ai frunzelor (Rodriguez et al. 2024).

Cele două analize Mantel au evidențiat diferențe notabile atât în ceea ce privește intensitatea corelației, cât și susținerea statistică a relațiilor examinate. În prima analiză, s-a observat o corelație moderată spre puternică între matricile distanței geografice și ale distanței populaționale ($r = 0,6001$), cu o semnificație statistică foarte ridicată ($p = 1 \times 10^{-4}$). Acest lucru indică faptul că separarea geografică este strâns legată de diferențierea populațională, reflectând un model clar de structurare spațială în concordanță cu izolarea prin distanță.

În schimb, a doua analiză, care a evaluat relația dintre distanța geografică și diversitatea genetică, a evidențiat o corelație foarte slabă ($r = 0,06171$) cu o semnificație marginală ($p = 0,0428$). Deși valoarea p sugerează o asocierie detectabilă statistic, coeficientul de corelație scăzut indică faptul că distanța geografică are un impact minim asupra diversității genetice, depășind cu greu pragul de semnificație stabilit de modelul nul ($Q95 = 0,0581$).

În ansamblu, aceste rezultate sugerează că, deși distanța geografică influențează puternic structura populației, efectul său asupra diversității genetice este mult mai slab. Acest lucru implică faptul că alți factori — precum fluxul genetic, presiunile selective sau evenimentele istorice — pot juca un rol mai important în modelarea variației genetice observate.

CAPITOLUL 5: Diversitatea genetică nucleară, structura populației și nivelul de hibridizare

5.1. Diversitatea genetică

Cei opt markeri SSR nucleari evaluați la 357 de indivizi din specia *Swietenia* au evidențiat o diversitate genetică moderată până la ridicată. Bogăția alelică pe locus (N_a) a variat între 8,6 și 17,2, cu o medie de $11,88 \pm 0,76$, în timp ce numărul efectiv de alele (N_e) a variat între 2,31 și 6,91 (medie = $4,89 \pm 0,41$). Heterozigotia observată (H_o) a variat între 0,35 și 0,75, iar heterozigotia așteptată (H_e) a variat între 0,46 și 0,85. Media F_{ST} la nivelul locilor a fost de $0,15 \pm 0,02$, indicând o diferențiere genetică moderată, alături de o variabilitate genetică substanțială în cadrul populației.

Diversitatea genetică în rândul populațiilor de *Swietenia* din Cuba a variat semnificativ de la o locație la alta. Numărul de alele pe locus (N_a) a variat de la $5,75 \pm 1,07$ în SC-C la $16,38 \pm 1,24$ în ME-E, cu o medie generală de $11,88 \pm 0,76$. În mod similar, numărul efectiv de alele (N_e) a variat între $3,30 \pm 0,66$ (SC-C) și $7,53 \pm 1,07$ (ME-E), reflectând diferențele în distribuția frecvenței alelelor între populații. Indicele de informație Shannon (I) a variat de la $1,23 \pm 0,18$ în SC-C la $2,20 \pm 0,18$ în ME-E, indicând o complexitate genetică mai mare în cea din urmă. Heterozigotia observată (H_o) a variat de la $0,45 \pm 0,11$ (SC-C) la $0,64 \pm 0,06$ (SG-A), în timp ce heterozigotia așteptată (H_e) a variat de la $0,59 \pm 0,10$ (SC-C) la $0,82 \pm 0,05$ (ME-E).

În general, rezultatele arată că populațiile prezintă o variabilitate genetică semnificativă, ME-E remarcându-se prin bogăția și complexitatea genetică mai mari. Diversitatea mai redusă a SC-C se atribuie în principal dimensiunii sale reduse, reflectând mai degrabă limitări demografice decât probleme legate de eșantionare sau de markeri. Acest lucru evidențiază modele contrastante de diversitate în funcție de specie, tipul de populație (naturală, reziduală sau plantație) și localizarea geografică.

AMOVA a indicat că cea mai mare parte a variației genetice se regăsește în interiorul populațiilor (97%), cu doar 3% între ele. Coeficientul de diferențiere genetică F_{ST} a fost scăzut, dar semnificativ ($F_{ST} = 0,027$; $P = 0,001$), reflectând o structură populațională slabă; standardizat în raport cu valoarea sa maximă teoretică ($F_{STmax} = 0,096$), F'_{ST} a atins 0,278, indicând o diferențiere moderată. Analiza DAPC a arătat o separare genetică clară a SC-C față de populațiile de *S. mahagoni* (SG-A și SM-B), care s-au grupat strâns. ME-E a ocupat o poziție intermediară între *S. mahagoni* și *S. macrophylla*, cu indivizi distribuiți pe o suprafață largă și difuză în spațiul discriminant (Figura 5.1).

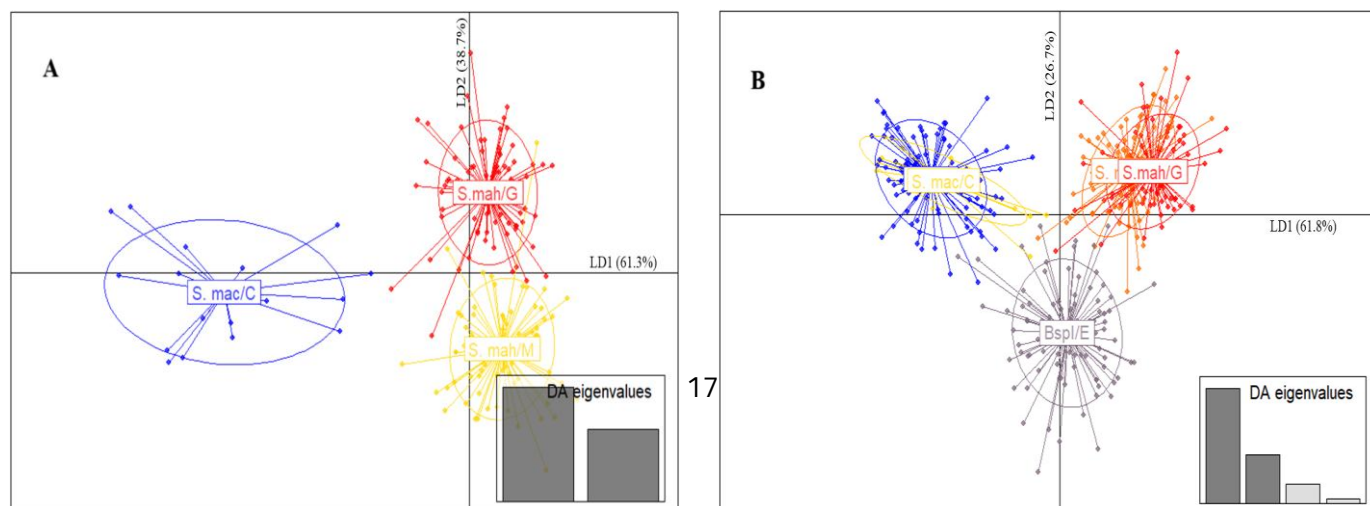


Figura 5.1. Analiza componentelor principale discriminante: (A) specii pure și (B) toate locațiile evaluate (Rodriguez et al., 2026).

5.2. Structura populației și hibridizarea

Analiza bayesiană a structurii populației realizată cu ajutorul programului STRUCTURE, cu $K = 2$ (Figura 5.2), a evidențiat o diferențiere genetică marcantă între grupurile analizate. Indivizii aparținând populațiilor 1 și 5 au prezentat o încadrare predominantă în grupul de culoare portocaliu (grupul 2), cu coeficienți de apartenență ridicați (0,970, respectiv 0,919). În schimb, populațiile 2, 3 și 4 au fost asociate în principal cu culoarea albastră (grupul 1), cu valori de atribuire de 0,974, 0,884 și 0,954. Divergența frecvenței alelelor între cele două clustere a fost moderată ($D = 0,1195$), în timp ce heterozigozitatea medie în cadrul fiecărui cluster a fost comparabilă, respectiv 0,807 și 0,792.

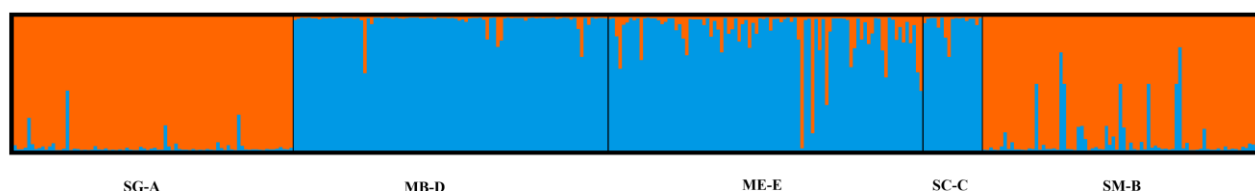


Figura 5.2. Gruparea obținută pentru două grupuri genetice ($k=2$). Codurile populațiilor sunt următoarele: SG-A (*S. mahagoni*), MB-D (arboret amestecat), ME-E (arboret amestecat), SC-C (*S. macrophylla* rămășiță) și SM-B (*S. mahagoni*) (Rodriguez et al., 2026). Abrevierile sunt definite în Tabelul 2.1.

Valorile F_{ST} (0,0713 și 0,0911) confirmă diferențierea genetică observată între grupuri. S-a observat un grad ridicat de amestec în arboret amestecat din Emigdio (ME-E), unde 56 de indivizi clasificați ca *S. mahagoni* pe baza morfologiei foliare au fost asociați în majoritate cu grupul genetic 1 (*S. macrophylla*). În schimb, în arboretul amestecat din Banao (MB-D) a existat o mai mare concordanță între analize morfologice și genetice, *S. macrophylla* predominând în ambele aspecte. Acest lucru sugerează că morfologia foliară nu reflectă întotdeauna hibridarea sau amestecul genetic, din cauza suprapunerii trăsăturilor între speciile parentale.

Analiza bayesiană a structurii populaționale cu STRUCTURE și markeri nucleari a permis determinarea numărului optim de clustere genetice (K) prin metoda Evanno (Evanno et al., 2005). Valorile $\text{LnP}(K)$ au crescut de la $K = 1$ la $K = 5$, cu o încetinire începând de la $K = 4$. Valoarea maximă a ΔK a fost observată la $K = 3$ ($\Delta K = 747,01$), cu o probabilitate medie a $\text{LnP}(K) = -10562,86$ și o abatere standard scăzută ($\pm 0,87$), indicând o soluție stabilă și robustă. Aceste rezultate susțin existența a trei grupuri genetice principale în rândul populațiilor studiate.

Analiza STRUCTURE la $K = 3$ (Figura 5.3A), identificată ca fiind optimă prin metoda ΔK (Evanno et al. 2005), a evidențiat o diferențiere genetică clară între populații. Populațiile 1 și 5 au fost încadrate în principal în grupul 3 (albastru), cu coeficienți de apartenență de 0,937 și, respectiv, 0,874. Populațiile 2 și 4 au fost asociate în principal cu clusterul 1 (portocaliu) (0,915 și 0,847), în timp ce populația 3 a prezentat o afiliere mai puternică cu clusterul 2 (violet) (0,891). Divergența frecvenței alelelor între clustere a fost moderată până la ridicată, variind între 0,1213 și 0,1920. Heterozigoza medie pentru clusterele 1, 2 și 3 a fost de 0,7877, 0,6642 și, respectiv, 0,8246. Valorile F_{ST} au variat între 0,0653 și 0,2255, confirmând o diferențiere genetică semnificativă între grupurile identificate.

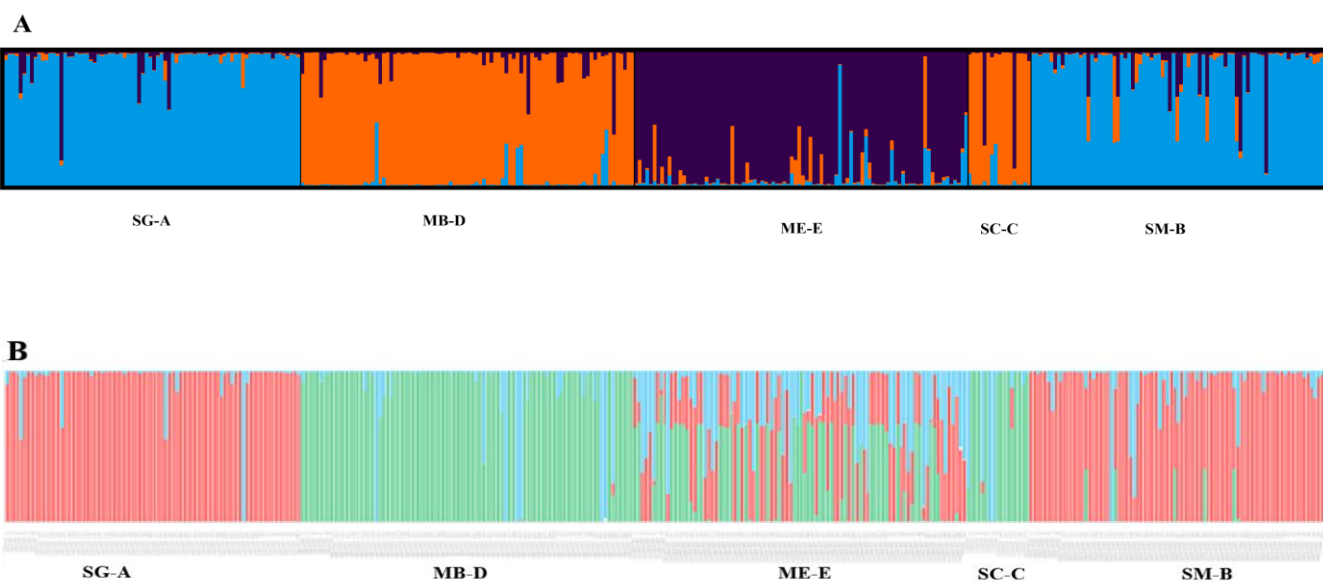


Figura 5.3. Gruparea obținută pentru trei grupuri genetice. (A) creată folosind ΔK selectat prin metoda Evanno și (B) pe baza rezultatelor obținute cu ajutorul software-ului Newhybrids. Unde SG-A (*S. mahagoni*), MB-D (arboret amestecat), ME-E (arboret amestecat), SC-C (*S. macrophylla* rămășiță) și SM-B (*S. mahagoni*) (Rodriguez et al., 2026). Abrevierile sunt definite în Tabelul 2.1

Analiza STRUCTURE la $K = 3$ a identificat trei grupuri genetice: populațiile 1 (SG-A) și 5 (SM-B) au fost încadrate în grupul 3 (albastru), populațiile 2 (MB-D) și 4 (SC-C) în grupul 1 (portocaliu), iar populația 3 (ME-E) în grupul 2 (violet). Aceste rezultate s-au aliniat cu analizele NewHybrids, care au confirmat că populațiile 1 și 5 erau predominant *S. mahagoni*, iar populațiile 2 și 4 erau în principal *S. macrophylla*, detectând totodată și câțiva indivizi hibrizi. Acest lucru indică faptul că, deși fiecare populație este asociată în mare parte cu o singură specie parentală, omogenitatea genetică completă lipsește. În contrast, ME-E a prezentat o proporție ridicată de indivizi hibrizi (Figura 5.3B).

5.3. Analiza comparativă între morfologia frunzelor și clasificarea genetică

Clasificarea morfologică a fost comparată cu (i) clasificarea genetică bazată pe microsateliți nucleari și (ii) alocarea hibridă bayesiană folosind NewHybrids. Cu un prag strict ($q \geq 0,90$), concordanța medie pe populație a fost de 64,9 % pentru Morfologia foliară–STRUCTURE, 64,3 % pentru Morfologia foliară–NewHybrids și 76,0 % pentru STRUCTURE–NewHybrids. Cu un prag mai relaxat ($q \geq 0,80$), concordanța a crescut ușor la 67,2 %, 67,0 % și 72,8 %, indicând modele generale de alocare consistente și robuste între criteriile de clasificare.

Populațiile autohtone (SG-A și SM-B) au prezentat o concordanță ridicată între metode: pentru $q \geq 0,90$, SG-A a avut 95–97,5 %, iar SM-B 80–93,75 %, în timp ce pentru $q \geq 0,80$ valorile au rămas ridicate (95–98,8 % și 85–91,3 %). SC-C a prezentat o concordanță bună între morfologie și clasificarea genetică (88,2 %, crescând la 94,1 % cu $q \geq 0,80$), dar o concordanță mai mică cu NewHybrids (64,7 % → 70,6 %).

În arboretele amestecate, discrepanțele au fost mai mari. MB-D a prezentat o concordanță scăzută în comparațiile care au implicat morfologia foliară (Morfologie–STRUCTURE: 48,9 % → 46,7 %; Morfologie–NewHybrids: 50 % → 47,8 %), în timp ce concordanța între metodele genetice a fost ridicată (STRUCTURE–NewHybrids: 77,8 % → 82,2 %). ME-E a prezentat cele mai mari discrepanțe (Morfologie–STRUCTURE: 10 % → 7,8 %; Morfologie–NewHybrids: 34,4 % → 36,7 %; STRUCTURE–NewHybrids: 34,4 % → 17,8 %), în concordanță cu introgresiunea și hibridarea extinsă. Acest lucru evidențiază faptul că identificarea fenotipică pe bază de descriptori foliari poate subestima variația genetică în arboretele amestecate, în special în cazul hibridizării sau al formelor introgressive.

În ansamblu, clasificarea indivizilor ca „puri” sau „hibrizi” a prezentat diferențe în funcție de metodă. Cu $q \geq 0,90$, indivizii au fost considerați ca fiind atribuiți cu certitudine unei specii parentale, în timp ce valorile intermediare (0,10–0,90) au fost tratate ca hibrizi. De asemenea, a fost evaluat un prag mai permisiv (0,20–0,80) pentru a lua în considerare genotipuri cu diferite niveluri de introgresiune.

Identificarea morfologică a clasificat 274 de indivizi ca fiind puri (220 de *S. mahagoni* și 54 de *S. macrophylla*) și 83 ca forme morfologice intermediare (Tabelul 5.1). În schimb, clasificările genetice au identificat 54 de hibrizi la $q \geq 0,90$ (303 puri) și 28 de hibrizi la $q \geq 0,80$ (329 puri), reflectând o estimare conservatoare a hibridizării. NewHybrids a detectat însă un număr substanțial mai mare de hibrizi — 140 la $q \geq 0,90$ și 129 la $q \geq 0,80$.

Tabelul 5.1. Numărul total de clasificări pe metode. (Rodríguez et al., 2026)

	Frunzei Morph	STRUCTURE (0.10–0.90)	STRUCTURE (0.20–0.80)	NewH (0.10–0.90)	NewH (0.20–0.80)
<i>S. mahagoni</i>	220	143	152	139	145
<i>S. macrophylla</i>	54	160	177	78	83
Hybrid	83	54	28	140	129

Cea mai mare concordanță s-a înregistrat între cele două abordări genetice (STRUCTURE–NewHybrids), în timp ce cele mai mari discrepanțe au apărut în populațiile mixte, subliniind limitele bazării exclusiv pe morfologia frunzelor pentru identificarea hibrizilor. Aceste rezultate indică faptul că hibridizarea este larg răspândită în complexul de specii studiat, NewHybrids estimând că 36–39% dintre indivizi sunt hibrizi, în timp ce analizele de ADN nuclear oferă o estimare minimă mai conservatoare, de 8–15%.

5.4. Structura genetică spațială

Corelogramele de autocorelație spațială au indicat valori foarte scăzute ale coeficientului de corelație genetică în ambele populații analizate (Figura 5.5). În populația SG-A, coeficientul a fost ușor pozitiv în primele clase de distanță (25–75 m) și negativ în clasele intermediare (100–125 m), cu câteva abateri izolate care se apropiau de limitele intervalelor de încredere de 95%. În populația SM-B, coeficientul a fluctuat în jurul valorii zero în toate clasele de distanță evaluate (10–70 m) și a rămas în limitele intervalelor de încredere, indicând o distribuție aproximativ aleatorie a genotipurilor și absența unei aglomerări genetice detectabile la scara spațială analizată.

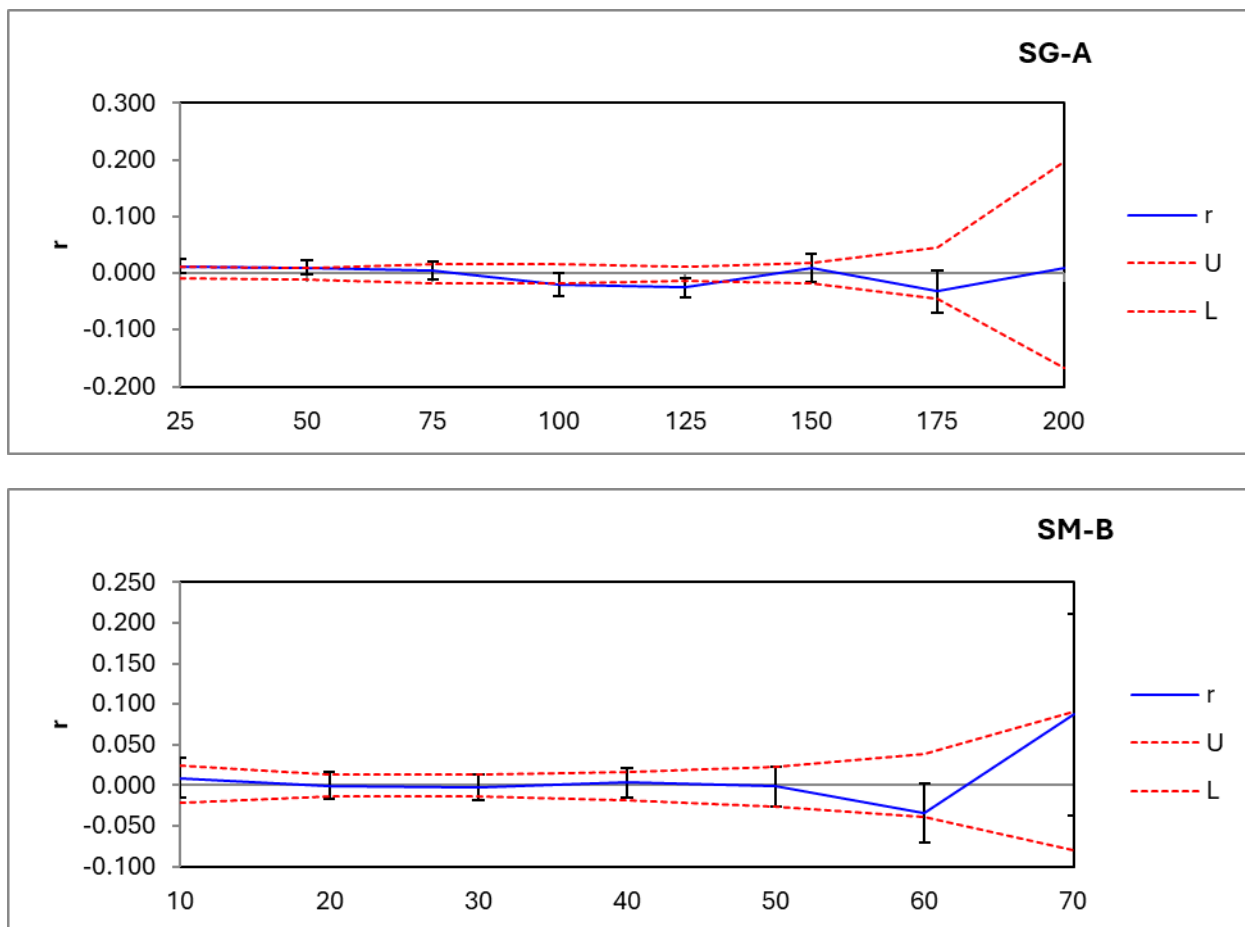


Figura 5.5. Corelograme genetice spațiale multilocus ale distanței genetice și geografice în două populații de *S. mahagoni*. Axa y reprezintă coeficientul de corelație genetică (r), iar axa x reprezintă clasa de distanță (m); intervalele de încredere (95%) au fost calculate folosind teste de permutare (linii

roșii) și sunt prezentate, de asemenea, bare de eroare de încredere de 95% obținute prin bootstrap în jurul lui r (Rodriguez et al., 2025).

În SG-A, coeficientul de rudenie la prima clasă de distanță a fost scăzut și pozitiv ($F_1 = 0,0074$), în timp ce în SM-B a fost practic zero ($F_1 \approx 0$). Aproximarea genetică dintre indivizii cei mai apropiați (F_1) a fost, de asemenea, aproape de zero (SG-A: 0,0074; SM-B: -0,0002). Panta regresiei coeficientului de rudenie în funcție de logaritmul distanței a fost ușor negativă și de mică magnitudine (SG-A: $bF = -0,0109 \pm 0,0205$; SM-B: $bF = -0,0111 \pm 0,0207$), indicând doar o scădere minimă a afinității genetice odată cu distanța. În consecință, intensitatea structurii genetice spațiale a fost la fel de scăzută în ambele populații, cu valori Sp aproape identice (SG-A: 0,0110; SM-B: 0,0111). O valoare Sp de $\approx 0,011$ indică o structură spațială slabă; în plus, testele de permutare aplicate pantei de regresie nu au fost semnificative (test bilateral, $p > 0,5$), astfel încât nu a fost detectată nicio structură genetică spațială la scară fină (FSGS) la scara analizată.

CAPITOLUL 6. CONCLUZII. CONTRIBUȚII ORIGINALE. DISEMINAREA REZULTATELOR

6.1. Concluzii

Rezultatele obținute permit o evaluare a variabilității morfologice și genetice a genului *Swietenia* în Cuba. Concluziile sunt prezentate mai jos, pe obiectivele specifice.

În ceea ce privește morfologia frunzelor:

- **Diferențierea taxonomică bazată pe descriptorii frunzelor:** S-a constatat o diferențiere semnificativă din punct de vedere statistic între speciile *S. mahagoni* și *S. macrophylla* la toate variabilele morfometrice ale frunzelor, indicând că valorile descriptorilor speciei *S. macrophylla* sunt semnificativ mai mari. Acest lucru confirmă și validează utilitatea practică a acestor descriptori ai frunzelor pentru diferențierea morfologică între populațiile pure ale ambelor specii.
- **Identificarea lungimii foliolei ca descriptor de discriminare cheie:** Prin analiza multivariată, s-a stabilit că lungimea foliolei este caracteristica morfometrică cu cea mai mare putere de a discrimina între cele două specii. Integrarea acestei variabile și a altor variabile în funcții matematice s-a dovedit a fi o abordare extrem de eficientă pentru separarea indivizilor și structurarea modelelor de clasificare.
- **Confirmarea și clasificarea formelor morfologice intermediare (IMF):** Aplicarea funcțiilor discriminante în arborete amestecate (Emigdio și Banao) a permis confirmarea existenței unor forme morfologice intermediare. Acești indivizi prezintă o morfologie foliară de tranziție, care este localizată geometric și grupată într-o regiune intermediară în raport cu cele două specii parentale.
- **Fiabilitate predictivă ridicată și segregare a populației:** Modelul de clasificare multivariată dezvoltat s-a dovedit a fi robust, atingând o precizie predictivă de aproape 95% în atribuirea morfologică inițială a indivizilor către grupurile respective. Acest lucru, susținut de o analiză de cluster care a arătat o segregare clară între speciile pure și arboretele amestecate. Cu toate acestea, pentru o monitorizare taxonomică și genetică cuprinzătoare — în special în arboretele amestecate supuse întregresiei — acest instrument morfologic ar trebui completat cu analize moleculare, deoarece caracteristicile frunzelor nu pot elucida pe deplin genotipuri hibride complexe.

În ceea ce privește analiza ADN-ului cloroplastic:

- **Identificarea unei variații genetice moderate fără discriminare la nivel de specie:** Analiza ADN-ului cloroplastic în populațiile de *Swietenia* a relevat un nivel moderat de variație genetică și existența a 11 haplotipuri. Deși markerii utilizați (în special ccmp4 și ccmp7) au detectat o variabilitate genetică considerabilă, s-a concluzionat că aceștia nu sunt suficienți pentru a stabili o discriminare între cele două specii.
- **Plantațiile mixte ca rezervoare de diversitate genetică:** Arboretele amestecate au prezentat cele mai ridicate niveluri de diversitate genetică cloroplastică. În special, populația ME-E (Emigdio) a fost identificată ca principalul rezervor de diversitate, deoarece conținea nouă

dintre cele unsprezece haplotipuri detectate și avea cel mai mare număr de haplotipuri unice (șase). Acest model contrastează puternic cu diferențierea limitată și bogăția alelică mai redusă observate în populațiile pure ale speciei autohtone și a speciei introduse. În acest context, arboretul amestecat „Emigdio”, prin faptul că adăpostește o proporție semnificativă din diversitatea totală a haplotipurilor, constituie o resursă valoroasă pentru conservarea acestor specii.

- **Structurare genetică predominant intrapopulațională:** Evaluarea structurii genetice a populațiilor indică faptul că cea mai mare parte a variației genetice se află în interiorul arboretelor. Analiza varianței moleculare (AMOVA) a confirmat această dinamică, determinând că 59% din varianța totală este explicată de diferențele din interiorul populațiilor, comparativ cu 41% atribuibile divergenței între populații.
- **Influența istoricului de gestionare și a originii semințelor asupra structurii cloroplastice:** Deși analizele statistice (testul Mantel) au relevat o legătură între distanțele geografice și genetice pe baza haplotipurilor cloroplastice, acest model reflectă distribuția taxonomică a arboretelor eșantionate (specii autohtone versus restul unei plantații cu o specie introdusă) și istoricul gestionării populațiilor, mai degrabă decât un proces evolutiv natural de izolare prin distanță.

În ceea ce privește analiza ADN-ului nuclear:

În ansamblu, această teză demonstrează că identificarea morfologică este adecvată pentru populațiile pure de *Swietenia* din Cuba, dar că detectarea hibridizării în arborete amestecate necesită utilizarea complementară a instrumentelor genetice moleculare. Integrarea abordărilor morfologice și moleculare oferă o bază solidă pentru elaborarea strategiilor de conservare, înființarea unor bănci de germoplasmă reprezentative și implementarea programelor de reîmpădurire pe termen lung și de monitorizare genetică, în conformitate cu liniile directoare CITES și cu conservarea identității genetice a speciei *S. mahagoni*.

- **Diversitate genetică intrapopulațională ridicată și conservarea integrității la specia autohtonă:** Analiza utilizând markeri microsatelitari nucleari a relevat niveluri moderate până la ridicate de variabilitate genetică, cea mai mare parte a acestei variații (97%) fiind concentrată în cadrul populațiilor. S-a constatat că populațiile naturale de *S. mahagoni* mențin o diversitate genetică adecvată și își păstrează integritatea, deoarece au fost identificate predominant ca specii pure, cu dovezi minime de introgresiune. Este de remarcat faptul că populația Guira (SG-A) a prezentat cel mai înalt grad de puritate genetică, cu un nivel de amestec practic neglijabil în comparație cu populația Modelo (SM-B). La rândul lor, populațiile mixte (în special populația ME-E) servesc drept principalele rezervoare de bogăție și complexitate alelică datorită încrucișării interspecifice.
- **Diferențiere clară a populațiilor și prevalență ridicată a hibridizării:** Evaluarea structurii populaționale a confirmat existența unor grupuri genetice bine definite, care permit separarea speciilor parentale pure de formele hibride. Analizele multivariate și bayesiene (STRUCTURE și NewHybrids) au demonstrat că hibridizarea este un fenomen răspândit în cadrul acestui complex de specii, atingând proporții estimate de până la 36–39%. Având în vedere limitările de transferabilitate între specii ale markerilor SSR utilizați, aceasta reprezintă o estimare

robustă, dar conservatoare, a introgresiunii complexe, poziționând genetic acești indivizi într-o zonă de tranziție intermediară clară.

- **Concordanță taxonomică ridicată la speciile pure:** Analiza comparativă a relevat un grad ridicat de concordanță (cu valori de similitudine cuprinse între 85% și peste 98%) atunci când identificarea morfologică tradițională a fost comparată cu atribuirea genetică în populațiile speciilor parentale. Cu toate acestea, în arboretele amestecate, au fost detectate discrepanțe și s-a observat o scădere a concordanței (în special în populația ME-E). Acest lucru demonstrează că, deși morfologia frunzelor este un instrument extrem de valid în populațiile izolate, aceasta este insuficientă pentru clasificarea indivizilor în scenarii de amestec extins, făcând indispensabilă utilizarea instrumentelor moleculare pentru identificarea genotipurilor hibride complexe.
- **Absența structurii genetice la scară fină (FSGS) și implicații pozitive pentru conservare:** Analiza autocorelației spațiale la nivel intrapopulațional în populațiile naturale de *S. mahagoni* a relevat o distribuție genotipică practic aleatorie, fără dovezi de grupare genetică semnificativă la nivel local. Corelația foarte slabă constatată între gradul de rudenie al indivizilor și distanța lor geografică ne permite să concluzionăm că nu există o structură genetică spațială la scară fină semnificativă în cadrul acestor arborete. În consecință, aceste arborete predominant pure (în special populația Guira) se impun ca surse ideale de colectare a semințelor pentru programele de reîmpădurire, deoarece garantează obținerea unui material genetic divers și robust, cu niveluri minime de rudenie.

6.2. Contribuții originale

Principală contribuție originală a acestei teze de doctorat constă în integrarea analizelor morfometrice ale frunzelor cu analize de markeri moleculari nucleari și cloroplastici pentru a evalua diferențierea speciilor și hibridizarea dintre *S. mahagoni* și *S. macrophylla* în Cuba.

Această cercetare oferă un exemplu de hibridare între cele două specii în arborete amestecate, detectată folosind markeri microsatelitari nucleari și modelare bayesiană, și demonstrează că o astfel de hibridizare nu a compromis structura genetică sau identitatea speciei autohtone *S. mahagoni*. De asemenea, se stabilește că morfologia frunzelor este un instrument util pentru identificarea taxonomică în populațiile izolate, dar este insuficientă în contextul amestecului interspecific.

Mai mult, demonstrează că populațiile de *S. mahagoni* regenerate pe cale naturală mențin niveluri ridicate de diversitate genetică și o structură genetică spațială slabă, poziționându-le ca rezervoare genetice și surse potențiale de semințe pentru programele de reconstrucție ecologică. Luate împreună, rezultatele oferă un cadru morfo-molecular replicabil pentru conservarea genetică a unor speciilor de arbori din zona tropicală.

6.3. Direcții viitoare de cercetare

Având în vedere starea critică de conservare a ambelor specii în Cuba — unde atât *S. mahagoni*, cât și *S. macrophylla* sunt pe cale de dispariție, dar cea din urmă este încă supusă presiunii comerciale în conformitate cu reglementările — concluziile acestei cercetări ridică noi provocări și oportunități.

Viitoarele direcții de cercetare ar trebui să aibă în vedere asigurarea protecției resurselor autohtone, optimizarea utilizării resurselor și instituirea unor controale riguroase, bazate pe date științifice. Pe baza cadrului morfo-molecular dezvoltat, se propun următoarele direcții viitoare:

- **Evaluarea potențialului productiv al hibrizilor:** Confirmarea faptului că hibridizarea este un fenomen răspândit deschide o cale strategică pentru reîmpădurire. Studiile viitoare ar trebui să evalueze performanța pe termen lung a acestor hibrizi interspecifici. Dacă se confirmă vigoarea hibridă (heterozisul), care duce la rate de creștere mai mari sau la reziliență, promovarea acestor hibrizi în scopuri pur comerciale ar putea satisface cererea pieței, atenuând presiunea care amenință în prezent populațiile relict.
- **Tranziția către abordări genomice (NGS) și studiul fluxului de gene:** Pentru a înțelege pe deplin dinamica introgresiunii, ar fi utilă extinderea rezoluției markerilor moleculari actuali, spre exemplu cu markeri (SNP). În plus, ar trebui promovate studii detaliate privind ecologia reproducerii în simpatie (suprapunere fenologică, rețele de polenizatori și distanțe de dispersie). Aceste informații genomice și ecologice vor permite să modelăm fluxul genetic actual și să evaluăm riscul viitor de contaminare genetică din plantațiile comerciale către zonele naturale strict protejate.
- **Strategii de conservare in situ:** Odată ce s-a confirmat că populațiile naturale de *S. mahagoni* își păstrează identitatea taxonomică și nu prezintă o structură genetică spațială semnificativă, acestea ar trebui declarate legal și protejate ca „Surse de semințe certificate” și resurse genetice, servind ca sursă primară pentru programe de restaurare ecologică.

6.4. Diseminarea rezultatelor

Rezultatele obținute în cadrul acestei cercetări doctorale au fost publicate în trei articole științifice și prezentate în cadrul a șase conferințe științifice internaționale.

Publicațiile rezultate din materialul de cercetare elaborat în această teză:

1. **Rodriguez Coca L.I.,** Ciocîrlan, E., BOGGIANO, A. G. T., FERNÁNDEZ, L. A. D., ÉVORA, J. F. L., Codrean, C., & Curtu, A. L. (2024). Leaf-based characterization of intermediate forms between Cuban and Honduran mahogany. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 52 (1), 13731-13731. <https://doi.org/10.15835/nbha52113731>(I.F: 1.3; Q2)
2. **Rodriguez Coca L.I.,** Ciocîrlan E., Curtu A.L. 2026. When native meets exotic: Uncovering hybridization between Cuban and introduced mahogany using chloroplast and nuclear microsatellites. *Annals of Forest Research*. 69(1): 21-44. <https://doi.org/10.15287/afr.2026.4354> (I.F: 2.9; Q1)
3. **Rodriguez Coca L.I.,** Ciocirlan, E., & Curtu, A. L. (2025). From Abandoned Lands to Genetically Robust Stands: Nuclear Genetic Diversity and Fine Scale Spatial Genetic Structures in Cuban Mahogany (*Swietenia mahagoni*). *Bulletin of the Transilvania University of Brasov. Series II: Forestry, Wood Industry, Agricultural Food Engineering*, 53-64. <https://doi.org/10.31926/but.fwiafe.2025.18.67.2.4>

Participarea la conferințe și evenimente științifice internaționale:

1. Liuder Isidoro RODRÍGUEZ COCA, Elena CIOCIRLAN, Alexandru Lucian CURTU. Leaf morphological traits distinguish between Cuban native species of mahagoni and the Hondurian mahagony. 6th Edition of the International Conference of the Integrated Management of Environmental Resources Conference Suceava-Romania. 23-24 November 2023, Suceava Romania.
2. Liuder Isidoro RODRÍGUEZ COCA, Elena CIOCIRLAN, Alexandru Lucian CURTU. Leaf morphological traits distinguish between Putative Hybrids Between Cuban and Hondurian mahagony species. Doctoral Conference DoCo 2024. Transilvania University of Brasov. 26-27 June 2024, Brasov, Romania.
3. Liuder Isidoro RODRÍGUEZ COCA, Elena CIOCIRLAN, Alexandru Lucian CURTU. GENETIC DIVERSITY AND POPULATION STRUCTURE OF CUBAN FOREST SPECIES. International competition "My 3 minutes PhD" at Université de Pau et des Pays de l'Adour. 1-5 July 2024, Pau, France.
4. Liuder Isidoro RODRÍGUEZ COCA, Elena CIOCIRLAN, Alexandru Lucian CURTU. From roots to genes: Unraveling the genetic diversity of Cuban mahogany through PCR and DNA analysis. International Summer School, Bioanalytical (Tele)Monitoring for Life Sciences - Medicine, Food Control, Environmental Monitoring. Transilvania University of Brasov. 13-21 September 2024, Brasov, Romania.
5. Liuder Isidoro RODRÍGUEZ COCA, Elena CIOCIRLAN, Alexandru Lucian CURTU. Chloroplast DNA variation and genetic differentiation in *Swietenia* species. 11th International Symposium Forest and Sustainable Development 2024. 17-18 October 2024, Brasov, Romania.
6. Liuder Isidoro RODRÍGUEZ COCA, Elena CIOCIRLAN, Alexandru Lucian CURTU. Investigating the genetic effects of introducing Honduran mahogany (*Swietenia macrophylla*) into Cuba: implications for the conservation of the native species of mahogany. Third Biannual EVOLTREE International Conference. 18-21 November 2025, Madrid, Spain.

BIBLIOGRAFIE SELECTIVĂ

1. Anderson, E. C., & Thompson, E. A. (2002). A Model-Based Method for Identifying Species Hybrids Using Multilocus Genetic Data. *Genetics*, 160(3), 1217-1229. <https://doi.org/10.1093/genetics/160.3.1217>
2. Apostol, E. N., Curtu, A. L., Daia, L. M., Apostol, B., Dinu, C. G., & Șofletea, N. (2017). Leaf morphological variability and intraspecific taxonomic units for pedunculate oak and grayish oak (genus *Quercus* L., series *Pedunculatae* Schwz.) in Southern Carpathian Region (Romania). *Science of The Total Environment*, 609, 497-505. <https://doi.org/10.1016/j.scitotenv.2017.05.274>
3. Bandelt, H. J., Forster, P., & Röhl, A. (1999). Median-joining networks for inferring intraspecific phylogenies. *Molecular Biology and Evolution*, 16(1), 37-48. <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.molbev.a026036>
4. Blundell, A. G. (2004). A review of the CITES listing of big-leaf mahogany. *Oryx*, 38(1), 84-90. <https://doi.org/10.1017/S0030605304000134>
5. Braga, J. W. B., Pastore, T. C. M., Coradin, V. T. R., Camargos, J. A. A., & Silva, A. R. da. (2011). The use of near Infrared Spectroscopy to Identify solid wood Specimens of *Swietenia Macrophylla* (Cites Appendix II). *IAWA Journal*, 32(2), 285-296. <https://doi.org/10.1163/22941932-900000058>
6. Cocuzza, G. E. M., Goldansaz, S. H., & Harsur, M. (2021). Arthropod pests and their management. *The pomegranate: botany, production and uses, Botany, Production and Uses*, 392-427. <https://doi.org/10.1079/9781789240764.0392>
7. Collado López, R. (2006). *Embriogénesis somática de Swietenia macrophylla king en medios de cultivo semisólidos* [Thesis, Universidad Central «Marta Abreu» de Las Villas]. <http://dspace.uclv.edu.cu:8089/xmlui/handle/123456789/2953>
8. Danquah, J. A., Appiah, M., Osman, A., & Pappinen, A. (2019). *Geographic Distribution of Global Economic Important Mahogany Complex: A Review*. <https://erepo.uef.fi/handle/123456789/8329>

9. de Palacios, P., G. Esteban, L., Gasson, P., García-Fernández, F., de Marco, A., García-Iruela, A., García-Esteban, L., & González-de-Vega, D. (2020). Using Lenses Attached to a Smartphone as a Macroscopic Early Warning Tool in the Illegal Timber Trade, in Particular for CITES-Listed Species. *Forests*, 11(11), Article 11. <https://doi.org/10.3390/f11111147>
10. Degen, B., & Sebbenn, A. M. (2014). Genetics and Tropical Forests. En M. Köhl & L. Pancel (Eds.), *Tropical Forestry Handbook* (pp. 1-30). Springer Berlin Heidelberg. https://doi.org/10.1007/978-3-642-41554-8_75-1
11. Doyle, J. J., & Doyle, J. L. (Eds.). (1987). A rapid DNA isolation procedure for small quantities of fresh leaf tissue. *PHYTOCHEMICAL BULLETIN*.
12. 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>
13. Evaristo, J., McDonnell, J. J., Scholl, M. A., Bruijnzeel, L. A., & Chun, K. P. (2016). Insights into plant water uptake from xylem-water isotope measurements in two tropical catchments with contrasting moisture conditions. *Hydrological Processes*, 30(18), 3210-3227. <https://doi.org/10.1002/hyp.10841>
14. Ewel, J. J., & Whitmore, J. L. (1973). The Ecological Life Zones of Puerto Rico and the U.S. Virgin Islands. *USDA Forest Service, Institute of Tropical Forestry, Research Paper ITF-018, 018*. <https://research.fs.usda.gov/treesearch/5551>
15. Fisher, R. A. (1936). The Use of Multiple Measurements in Taxonomic Problems. *Annals of Eugenics*, 7(2), 179-188. <https://doi.org/10.1111/j.1469-1809.1936.tb02137.x>
16. Francis, J. K. (1995). Forest Plantations in Puerto Rico. En A. E. Lugo & C. Lowe (Eds.), *Tropical Forests: Management and Ecology* (pp. 210-223). Springer. https://doi.org/10.1007/978-1-4612-2498-3_8
17. Gillies, A. C. M., Navarro, C., Lowe, A. J., Newton, A. C., Hernández, M., Wilson, J., & Cornelius, J. P. (1999). Genetic diversity in Mesoamerican populations of mahogany (*Swietenia*

- macrophylla), assessed using RAPDs. *Heredity*, 83(6), Article 6. <https://doi.org/10.1046/j.1365-2540.1999.00626.x>
18. Gilman, E. F., & Harchick, C. (2014). *Root System Morphology Influences Lateral Stability of Swietenia mahagoni*. 40(1), 27-35.
 19. Goldstein, D. B., Ruiz Linares, A., Cavalli-Sforza, L. L., & Feldman, M. W. (1995). An evaluation of genetic distances for use with microsatellite loci. *Genetics*, 139(1), 463-471. <https://doi.org/10.1093/genetics/139.1.463>
 20. Grogan, J., & Barreto, P. (2005). Big-Leaf Mahogany on CITES Appendix II: Big Challenge, Big Opportunity. *Conservation Biology*, 19(3), 973-976.
 21. Grogan, J., Peña-Claros, M., & Günter, S. (2011). Managing Natural Populations of Big-Leaf Mahogany. En S. Günter, M. Weber, B. Stimm, & R. Mosandl (Eds.), *Silviculture in the Tropics* (pp. 227-235). Springer. https://doi.org/10.1007/978-3-642-19986-8_15
 22. Hammer, O., Harper, D. A. T., & Ryan, P. D. (2001). PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Paleontologia Electronica*, 4. <https://cir.nii.ac.jp/crid/1573950401102233088>
 23. Hardy, O. J. (2003). Estimation of pairwise relatedness between individuals and characterization of isolation-by-distance processes using dominant genetic markers. *Molecular Ecology*, 12(6), 1577-1588. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01835.x>
 24. He, T., Marco, J., Soares, R., Yin, Y., & Wiedenhoef, A. C. (2020). Machine Learning Models with Quantitative Wood Anatomy Data Can Discriminate between *Swietenia macrophylla* and *Swietenia mahagoni*. *Forests*, 11(1), Article 1. <https://doi.org/10.3390/f11010036>
 25. Helgason, T., Russell, S. J., Monro, A. K., & Vogel, J. C. (1996). What is mahogany? The importance of a taxonomic framework for conservation. *Botanical Journal of the Linnean Society*, 122(1), 47-59. Scopus. <https://doi.org/10.1006/bojl.1996.0048>
 26. Höltnen, A. M., Schröder, H., Wischniewski, N., Degen, B., Magel, E., & Fladung, M. (2012). *Development of DNA-based methods to identify CITES-protected timber species: A case study in the Meliaceae family*. 66(1), 97-104. <https://doi.org/10.1515/HF.2011.142>

27. Jennings, S. B., Brown, N. D., Boshier, D. H., Whitmore, T. C., & Lopes, J. do C. A. (2001). Ecology provides a pragmatic solution to the maintenance of genetic diversity in sustainably managed tropical rain forests. *Forest Ecology and Management*, 154(1), 1-10.
[https://doi.org/10.1016/S0378-1127\(00\)00637-X](https://doi.org/10.1016/S0378-1127(00)00637-X)
28. Jost, L. (2008). GST and its relatives do not measure differentiation. *Molecular Ecology*, 17(18), 4015-4026. <https://doi.org/10.1111/j.1365-294X.2008.03887.x>
29. Khare, C. P. (2007). Swietenia mahagoni Jacq. En C. P. Khare (Ed.), *Indian Medicinal Plants: An Illustrated Dictionary* (pp. 1-1). Springer. https://doi.org/10.1007/978-0-387-70638-2_1577
30. Leao, N. V. M., Felipe, S. H. S., Emidio, -Silva Claudio, dos, S. M. A. C., Shimizu, E. S. C., Gallo, R., de, F. A. D. D., & Kato, O. R. (2018). Morphometric diversity between fruits and seeds of mahogany trees («Swietenia macrophylla» King.) from Parakana Indigenous Land, Para State, Brazil. *Australian Journal of Crop Science*, 12(3), 435-443.
<https://doi.org/10.3316/informit.605638855811995>
31. Lemes, M. R. (2000). *Population genetic structure and mating system of Swietenia macrophylla King (Meliaceae) in the Brazilian Amazon: Implications for conservation*.
<http://dspace.stir.ac.uk/handle/1893/2405>
32. Lemes, M. R., Brondani, R. P. V., & Grattapaglia, D. (2002). Multiplexed Systems of Microsatellite Markers for Genetic Analysis of Mahogany, Swietenia macrophylla King (Meliaceae), a Threatened Neotropical Timber Species. *Journal of Heredity*, 93(4), 287-290.
<https://doi.org/10.1093/jhered/93.4.287>
33. Lemes, M. R., Gribel, R., Proctor, J., & Grattapaglia, D. (2003). Population genetic structure of mahogany (Swietenia macrophylla King, Meliaceae) across the Brazilian Amazon, based on variation at microsatellite loci: Implications for conservation. *Molecular Ecology*, 12(11), 2875-2883. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01950.x>
34. Mantel, N. (1967). The Detection of Disease Clustering and a Generalized Regression Approach. *Cancer Research*, 27(2_Part_1), 209-220.

35. Montiel, K., Detlefsen, G., & Ureña, C. (2020). *Árboles y palmas emblemáticos de las Américas. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA).*
36. Nei, M. (1987). Molecular evolutionary genetics. *Columbia Univ.*
37. Nelson, H. P., Devenish-Nelson, E. S., Rusk, B. L., Geary, M., & Lawrence, A. J. (2020). A review of tropical dry forest ecosystem service research in the Caribbean – gaps and policy-implications. *Ecosystem Services*, 43. Scopus. <https://doi.org/10.1016/j.ecoser.2020.101095>
38. Novick, R. R., Dick, C. w., Lemes, M. R., Navarro, C., Caccone, A., & Bermingham, E. (2003). Genetic structure of Mesoamerican populations of Big-leaf mahogany (*Swietenia macrophylla*) inferred from microsatellite analysis. *Molecular Ecology*, 12(11), 2885-2893. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2003.01951.x>
39. Oldfield, S. (1988). *Rare Tropical Timbers*. IUCN.
40. Oldfield, S. F. (2013). The Evolving Role of CITES in Regulating the International Timber Trade. *Review of European, Comparative & International Environmental Law*, 22(3), 291-300. <https://doi.org/10.1111/reel.12045>
41. Oliveira, S. S. de. (2018). *Diversidade e estrutura genética de Swietenia macrophylla King em floresta manejada na Amazônia sul-ocidental.* <http://www.alice.cnptia.embrapa.br/handle/doc/1110195>
42. Oliveira, E. J., Pádua, J. G., Zucchi, M. I., Vencovsky, R., & Vieira, M. L. C. (2006). Origin, evolution and genome distribution of microsatellites. *Genetics and Molecular Biology*, 29, 294-307. <https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000200018>
43. Paiva, E. A. S. (2011). Petaline nectaries in *Swietenia macrophylla* (Meliaceae): Distribution and structural aspects. *Flora - Morphology, Distribution, Functional Ecology of Plants*, 206(5), 484-490. <https://doi.org/10.1016/j.flora.2010.09.009>
44. Pennington, R. T., Lavin, M., & Oliveira-Filho, A. (2009). Woody Plant Diversity, Evolution, and Ecology in the Tropics: Perspectives from Seasonally Dry Tropical Forests. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40(Volume 40, 2009), 437-457. <https://doi.org/10.1146/annurev.ecolsys.110308.120327>

45. Pons, O., & Petit, R. J. (1996). Measuring and testing genetic differentiation with ordered Versus unordered alleles. *Genetics*, 144(3), 1237-1245.
46. Pritchard, J. K., Stephens, M., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155(2), 945-959. <https://doi.org/10.1093/genetics/155.2.945>
47. Puentes, D. A., Farrat, L. R., & Escalera, V. V. (2002). *Consideraciones sobre el género Swietenia Jacq. (Swietenioideae, Meliaceae) en Cuba*. 26(2002), 63-78.
48. Rodan, B. D., & Blundell, A. G. (2003). Can Sustainable Mahogany Stem from CITES Science? *BioScience*, 53(7), 619. [https://doi.org/10.1641/0006-3568\(2003\)053%255B0619:CSMSFC%255D2.0.CO;2](https://doi.org/10.1641/0006-3568(2003)053%255B0619:CSMSFC%255D2.0.CO;2)
49. Rodriguez , L.I., Ciocîrlan, E., Boggiano, A. G. T., Fernández, L. A. D., Évora, J. F. L., Codrean, C., & Curtu, A. L. (2024). Leaf-based characterization of intermediate forms between Cuban and Honduran mahogany. *Notulae Botanicae Horti Agrobotanici Cluj-Napoca*, 52(1), 13731-13731. <https://doi.org/10.15835/nbha52113731>
50. Rodriguez , L.I., Ciocirlan, E., & Curtu, A. L. (2025). From Abandoned Lands to Genetically Robust Stands: Nuclear Genetic Diversity and Fine Scale Spatial Genetic Structures in Cuban Mahogany (*Swietenia mahagoni*). *Bulletin of the Transilvania University of Brasov. Series II: Forestry ■ Wood Industry ■ Agricultural Food Engineering*, 53-64. <https://doi.org/10.31926/but.fwiafe.2025.18.67.2.4>
51. Rodriguez , L.I., Ciocîrlan, E., & Curtu, A.L. 2026. When native meets exotic: Uncovering hybridization between Cuban and introduced mahogany using chloroplast and nuclear microsatellites. *Ann. For. Res.* 69(1): 21-44. <https://doi.org/10.15287/afr.2026.4354>
52. Sampayo-Maldonado, S., Ordoñez-Salanueva, C. A., Mattana, E., Way, M., Castillo-Lorenzo, E., Dávila-Aranda, P. D., Lira-Saade, R., Téllez-Valdés, O., Rodríguez-Arevalo, N. I., Ulian, T., & Flores-Ortíz, C. M. (2021). Thermal Niche for Seed Germination and Species Distribution Modelling of *Swietenia macrophylla* King (Mahogany) under Climate Change Scenarios. *Plants*, 10(11), Article 11. <https://doi.org/10.3390/plants10112377>

53. Slatkin, M. (1995). A measure of population subdivision based on microsatellite allele frequencies. *Genetics*, 139(1), 457-462. <https://doi.org/10.1093/genetics/139.1.457>
54. Smouse, P. E., & Peakall, R. (1999). Spatial autocorrelation analysis of individual multiallele and multilocus genetic structure. *Heredity*, 82 (Pt 5), 561-573. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6885180>
55. Smouse, R. P. P., & Peakall, P. (2012). GenAEx 6.5: Genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research—An update. *Bioinformatics*, 28(19), 2537-2539.
56. StatSoft. (2008). *STATISTICA for Windows. Software-System For Data Analysis, Tulsa, OK, USA* (Versión 8) [Software].
57. Styles, B. T., & Khosla, P. K. (1976). Cytology and reproductive biology of Meliaceae. *Linnean Society Symposium Series*. https://scholar.google.com/scholar_lookup?title=Cytology+and+reproductive+biology+of+Meliaceae&author=Styles%2C+B.T.&publication_year=1976
58. Timyan, J. (1979). *Bwa yo: Important trees of Haiti*. <https://aurora.auburn.edu/handle/11200/49750>
59. Van Oosterhout, C., Hutchinson, W. F., Wills, D. P. M., & Shipley, P. (2004). micro-checker: Software for identifying and correcting genotyping errors in microsatellite data. *Molecular Ecology Notes*, 4(3), 535-538. <https://doi.org/10.1111/j.1471-8286.2004.00684.x>
60. Vekemans, X., & Hardy, O. J. (2004). New insights from fine-scale spatial genetic structure analyses in plant populations. *Molecular Ecology*, 13(4), 921-935. <https://doi.org/10.1046/j.1365-294X.2004.02076.x>
61. Wardell, D. A. (2023). *CITES as a tool for sustainable development: Despite progress in tackling international trade in tropical tree species, more needs to be done*. Center for International Forestry Research (CIFOR). <https://doi.org/10.17528/cifor-icraf/008966>
62. Weaver, P. L. (1997). *Mahogany in Belize: A Historical Perspective*. U.S. Department of Agriculture, Forest Service, Southern Research Station.

63. Weir, B. S., & Cockerham, C. C. (1984). Estimating F-Statistics for the Analysis of Population Structure. *Evolution*, 38(6), 1358-1370. <https://doi.org/10.2307/2408641>
64. Weising, K., & Gardner, R. C. (1999). A set of conserved PCR primers for the analysis of simple sequence repeat polymorphisms in chloroplast genomes of dicotyledonous angiosperms. *Genome*, 42(1), 9-19.
65. Whitmore, T. C. (2003). Mahogany: Tree of the Future. En A. E. Lugo, J. C. Figueroa Colón, & M. Alayón (Eds.), *Big-Leaf Mahogany: Genetics, Ecology, and Management* (pp. 1-5). Springer. https://doi.org/10.1007/0-387-21778-9_1
66. Yadav, R., Pednekar, A., Avalaskar, A., Rath, M., & Rewachandani, Y. (2015). A comprehensive review on Meliaceae family. *World Journal of Pharmaceutical Sciences*, 1572-1577.