

manuscript_sp

|Evaluación morfofenotípica de algarrobo (*Neltuma pallida*) para la identificación de individuos superiores en ecosistemas de bosque seco

Sebastian Casas-Niño^{1,2*}; Juan Rodrigo Baselly-Villanueva³; Evelin Judith Salazar-Hinostroza³; Sheyla Yanett Chumbimune-Vivanco^{3,2}; William Naurai⁴; Nery Tirabante Terrones⁵; Max Ramirez Rojas¹; Flavio Lozano-Isla^{1,6*}.

¹ *Dirección de Supervisión y Monitoreo en las Estaciones Experimentales - Estación Experimental Agraria El Chira, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Piura 20120, Perú.*

² *Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú.*

³ *Dirección de Investigación y Desarrollo Tecnológico, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). Lima. Perú.*

⁴ *Dirección de Estudios e Investigación, Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre. Lima, Perú.*

⁵ *Universidade Estadual de Campinas, Caixa Postal 6109, 13083-970 Campinas (SP).*

⁶ *Facultad de Ingeniería y Ciencias Agrarias, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), Amazonas 01001, Perú.*

*Corresponding author: 20140231@lamolina.edu.pe; flavio.lozano@untrm.edu.pe

ORCID IDs

Author	ORCID	email
Sebastian Casas-Niño	0000-0002-6576-8761	20140231@lamolina.edu.pe
Juan Rodrigo Baselly-Villanueva	0000-0001-7795-7925	
Evelin Judith Salazar-Hinostroza	0000-0002-8878-430X	esalazar@inia.gob.pe
Sheyla Yanett Chumbimune Vivanco	0000-0002-2485-0988	20081043@lamolina.edu.pe
William Nauray	0000-0003-2114-1518	wnauray@serfor.gob.pe
Nery Tirabante Terrones	0000-0002-0634-1522	nery@lgf.ib.unicamp.br
Max Ramirez Rojas	0000-0003-3322-0838	proyectochoira@inia.gob.pe
Flavio Lozano-Isla	0000-0002-0714-669X	flavio.lozano@untrm.edu.pe

ABSTRACT

Neltuma pallida, especie clave del bosque seco, enfrenta amenazas severas, lo que hace urgente su conservación y mejoramiento genético. El presente estudio tuvo como objetivo identificar árboles plus de algarrobo en localidades de Piura y Tumbes, mediante la caracterización morfofenotípica. Se utilizó un muestreo aleatorio estratificado, estableciendo parcelas forestales para evaluar individuos. Se registraron variables dasométricas y fenotípicas, complementadas con datos fisiográficos, climáticos y edáficos, obtenidos mediante muestreo de suelos y sistemas de información geográfica. Los individuos fueron clasificados como árboles plus, si presentaban características sobresalientes y sin rasgos desfavorables. Se evidenció un alto grado de variabilidad morfológica entre poblaciones, con individuos destacados en altura, diámetro, forma del fuste y producción de frutos. Las diferencias en fertilidad del suelo influyeron significativamente en la expresión fenotípica. Se estimaron coeficientes de heredabilidad para rasgos clave, identificando aquellos con mayor control genético y potencial de respuesta a la selección. Como resultado, se seleccionaron árboles superiores que serán incorporados a un banco de germoplasma para programas de mejoramiento genético, orientados a la restauración ecológica y conservación de algarrobo en el bosque seco peruano. Este estudio sienta las bases para estrategias de manejo sostenible basadas en la variabilidad genética local y el conocimiento agroecológico del ecosistema.

Keywords: Árboles plus; bosque seco; caracterización morfológica; mejoramiento genético; variabilidad fenotípica.

INTRODUCTION

Neltuma pallida, conocido como algarrobo, son árboles pertenecientes al género *Neltuma*, anteriormente clasificado dentro del género *Prosopis* (Hughes et al., 2022). Se consideran recursos forestales valiosos en regiones áridas y semiáridas (Bessega et al., 2009) por su capacidad de fijar nitrógeno en el suelo (Grados et al., 2022), longevidad y madera dura de alta calidad (Beresford-Jones et al., 2009). Desde el enfoque ecológico, mejoran la fertilidad y la retención de humedad del suelo, moderan condiciones extremas mediante la creación de microclimas bajo sus copas (Beresford-Jones & Whaley, 2022) y contribuyen en la integración de ecosistemas desérticos frágiles a través de la desalinización y la mejora microclimática (Beresford-Jones et al., 2009; El Kenany et al. 2025). Además, juegan un papel relevante en la mitigación del cambio climático mediante la captura de carbono atmosférico (Duval & Cámara-Artigas, 2021).

A pesar de sus múltiples beneficios, los algarrobos están considerados entre los recursos genéticos más amenazados en América del Sur (van Zonneveld et al., 2018). Esto debido a que la expansión agrícola, la urbanización y el crecimiento de cultivos agroindustriales han transformado extensas áreas del Bosque Seco Tropical (Montano Fuentes et al., 2022), provocando la pérdida de biodiversidad y de servicios ecosistémicos. En el norte del Perú, regiones como Piura, Tumbes, Lambayeque y La Libertad, han sido especialmente afectadas por estos procesos de deforestación y cambio de uso del suelo (Vera et al., 2024). Además de las presiones antrópicas, las poblaciones de algarrobo también han sido severamente afectadas por agentes bióticos. Diversos estudios han identificado más de 130 especies de insectos asociadas al algarrobo (Juárez & González, 2016; Juárez-Noé & González-Coronado, 2020; SERFOR et al., 2022), entre las que destaca *Enallodiplosis discordis* Gagné 1994, una plaga que en su fase larval se alimenta de los folíolos y ha sido señalada como el principal responsable de la muerte regresiva generalizada de estos árboles (Gagné & Whaley, 2020; Whaley et al., 2020).

Frente a esta realidad, se vuelve imprescindible establecer acciones de monitoreo y conservación (Vera et al., 2024), especialmente considerando que el algarrobo ha sido declarado especie prioritaria para la investigación, conservación y protección por el gobierno peruano (La Torre et al., 2025). En este contexto, los estudios de caracterización genética y morfológica resultan fundamentales, pues permiten distinguir con precisión especies o ecotipos locales y, con ello, diseñar estrategias de conservación dirigidas a poblaciones con mayor valor adaptativo o en riesgo de extinción (Rosales-Islas et al., 2023). Para lograr una caracterización adecuada, es necesario considerar diversos factores cuantitativos y cualitativos. Bessega et al., (2015) destacan que la selección de individuos tiene importantes implicancias para la gestión de los recursos genéticos, y que tanto los rasgos fenotípicos de valor adaptativo como la procedencia poblacional deben ser cuidadosamente evaluados antes de iniciar cualquier programa de selección. En ese sentido, la evaluación fenotípica constituye

una etapa clave en la identificación de árboles plus (Castañeda-Garzón et al., 2021), entendidos como individuos con fenotipos claramente superiores en una o más características de interés económico, que pueden ser utilizados como progenitores en programas de mejoramiento y conservación (Castro et al., 2025; Ipinza et al., 1998; Tomback et al., 2022). Como principio general, todo carácter a seleccionar debe presentar: (a) un alto control genético, (b) una alta variación genética y (c) ser preferiblemente de fácil medición (Zobel & Talbert, 1984).

Diversos estudios apoyan la eficacia de la caracterización fenotípica y la selección de árboles plus; árboles fenotípicamente sobresalientes por una o más características de interés económico (Ipinza et al., 1998), como herramientas de conservación y mejora genética (Castañeda-Garzón et al., 2023; Paredes Ulloa et al., 2025). La heredabilidad es un parámetro que depende de la población y el sitio, por lo que su estimación varía en función de las familias consideradas en la evaluación, la edad y el ambiente de ensayo (Wahid et al., 2012). Este parámetro expresa la proporción de varianza que los padres pueden transmitir a su descendencia, con valores que pueden oscilar entre 0 y 1 (Zobel y Talbert, 1984; Falconer y MacKay, 1996). En *Neltuma chilensis*, Chequer Charan et al., (2021) identificó heredabilidad moderada para caracteres como biomasa ($h^2 = 0.28$) y longitud de espinas ($h^2 = 0.22$), y enfatizó la necesidad de considerar tanto la procedencia como la variabilidad intrafamiliar para maximizar la ganancia genética. De forma complementaria, López Lauenstein et al., (2025) analizaron la diversidad funcional intraespecífica y la adaptación local en *Neltuma alba* bajo estrés hídrico, identificando diferentes estrategias fisiológicas de tolerancia a la sequía asociadas a rasgos morfológicos foliares y diversidad genética, lo que refuerza la importancia de seleccionar procedencias adaptadas a condiciones ambientales cambiantes. Además, en especies como *Swietenia macrophylla* (Revilla-Chávez et al., 2024) y *Cedrela odorata* (Hernández-Máximo et al., 2022), se han utilizado estimaciones de heredabilidad para priorizar genotipos con alto valor genético.

Pese a su importancia ecológica y productiva, *Neltuma pallida* (Humb. & Bonpl. ex Willd.) C.E.Hughes & G.P.Lewis (Hughes et al., 2022), aún no cuenta con estudios que aborden simultáneamente su caracterización fenotípica, la adaptación local y la selección de árboles plus en poblaciones naturales. En respuesta a esta necesidad, el presente estudio tiene como objetivo caracterizar árboles de algarrobo (*Neltuma pallida*) en localidades de las regiones de Piura y Tumbes, mediante la evaluación de variables fenotípicas, condiciones edafoclimáticas y estimaciones de heredabilidad, con el fin de identificar árboles plus con potencial para su incorporación en futuros programas de mejoramiento genético y conservación.

MATERIALS AND METHODS

Study Area

Las evaluaciones de los caracteres cualitativos y cuantitativos de *Neltuma pallida* se realizaron en 13 localidades distribuidas en los departamentos de Piura y Tumbes, en el noroeste del Perú ([Figure 1](#)). En Tumbes, las evaluaciones se llevaron a cabo en los distritos de Zorritos (provincia de Contralmirante Villar), San Jacinto y Corrales (provincia de Tumbes). En Piura, los distritos evaluados fueron Marcavelica y Sullana (provincia de Sullana), La Matanza y Chulucanas (provincia de Morropón) y Veintiséis de Octubre (provincia de Piura).

Ambos departamentos se encuentran en la ecorregión del bosque seco tropical, hábitat natural de *Neltuma pallida*. El departamento de Piura se extiende entre los 4°05' y 6°22' de latitud sur, y entre los 79°00' y 81°07' de longitud oeste. En las localidades seleccionadas para este estudio, la temperatura máxima media alcanza los 38.1 °C, mientras que la mínima media se sitúa en 15.7 °C. Las precipitaciones son estacionales y de baja magnitud, registrando un promedio anual de 226.7 mm (POWER, 2025). El departamento de Tumbes se ubica más al norte, entre los 3°22'56.81" y 4°19'3.48" de latitud sur, y entre los 80°2'46.90" y 80°7'37.43" de longitud oeste. Las localidades de estudio en esta región registraron una temperatura máxima media de 37.5 °C y una mínima media de 17.7 °C. Al igual que en Piura, las lluvias son estacionales, aunque con una mayor acumulación promedio anual, alcanzando los 324.5 mm (POWER, 2025).

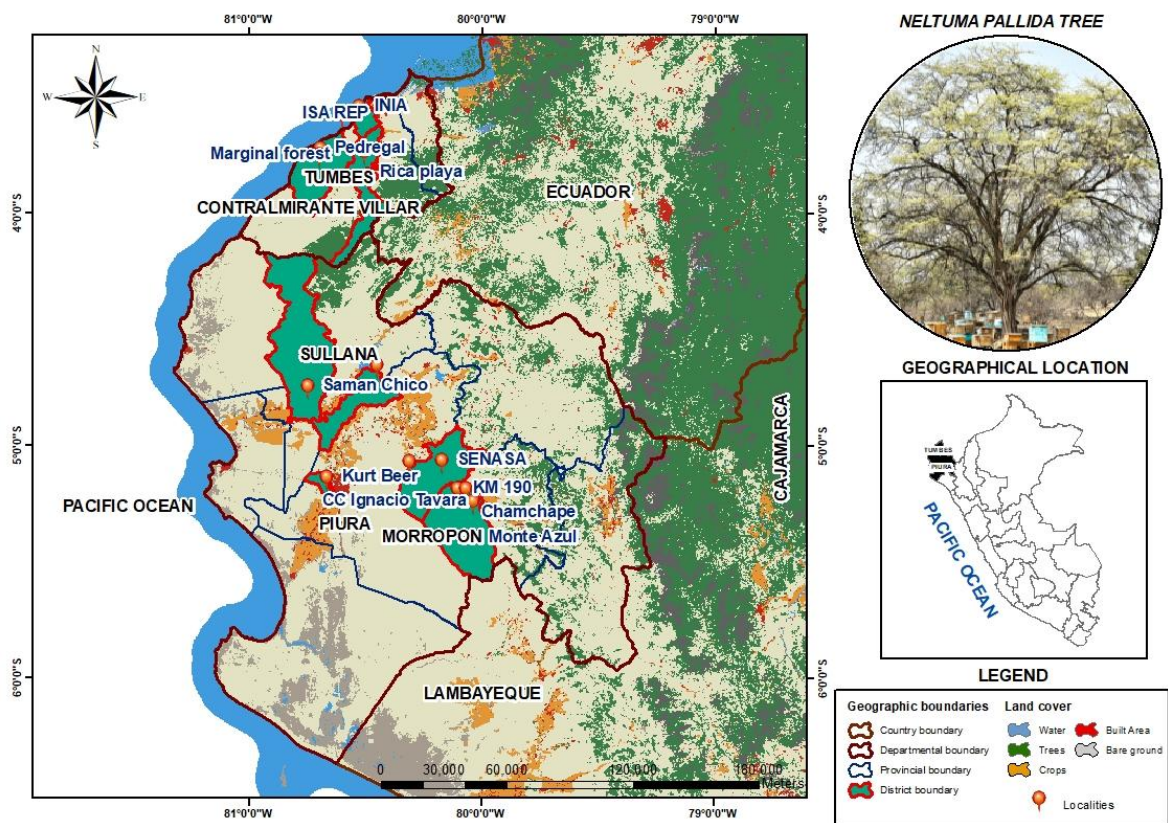


Figure 1: Mapa de ubicación de las 13 localidades de evaluación de árboles de *Neltuma pallida* en los departamentos de Piura y Tumbes, Perú.

Metodología de muestreo de árboles

Se empleó un muestreo aleatorio estratificado, estableciendo parcelas en cada localidad de estudio que presentaban condiciones de hábitat relativamente homogéneas. Dentro de estas áreas, se seleccionaron aleatoriamente las unidades de muestreo, priorizando zonas con mayor densidad de individuos y cobertura de dosel. La unidad de muestreo correspondió a una parcela forestal de 0.5 ha (5000 m²), considerada como el área recomendada para inventarios forestales en bosques secos de la región costera del Perú (Ministerio del Ambiente, 2015). Cada parcela tuvo una dimensión de 250 m × 20 m, conforme a los criterios técnicos establecidos. Dentro de cada parcela se delimitaron 10 subparcelas de 50 m × 10 m, en las cuales se registraron todos los individuos con un diámetro a la altura del pecho (DAP) ≥ 10 cm (Roque et al., 2023). La evaluación incluyó tanto árboles adultos como fustales, registrándose sus principales características morfológicas y fenotípicas.

Colecta de datos edafoclimáticos

Las variables edáficas fueron tomadas en campo. Previo al establecimiento del muestreo de suelos, se realizó un recorrido exploratorio en el área de estudio con el objetivo de identificar zonas homogéneas en términos de relieve, color, textura superficial y tipo de manejo del suelo. Con base en esta caracterización preliminar, se aplicó un diseño de muestreo aleatorio siguiendo un patrón en zigzag. En cada punto de muestreo (cada 15 a 30 pasos) se extrajo una submuestra con ayuda de una pala a una profundidad uniforme de entre 20 y 30 cm. Por cada hectárea se recolectaron entre 20 y 30 submuestras, las cuales fueron depositadas en un balde de plástico limpio, para ser mezcladas homogéneamente y conformar así, una muestra compuesta (Carter & Gregorich, 2007). Posteriormente, esta mezcla fue sometida a un proceso de cuarteo hasta obtener un volumen aproximado de 1 kg. Durante esta etapa se eliminaron restos visibles de materia orgánica fresca, piedras y grava. La muestra final se almacenó en una doble bolsa plástica limpia, debidamente rotulada con información esencial (código de identificación, ubicación geográfica, fecha de muestreo) y sellada herméticamente. Finalmente, las muestras fueron transportadas al laboratorio para su análisis fisicoquímico respectivo.

Las variables climáticas se obtuvieron de la base de datos de Predicción Global de Recursos Energéticos de la NASA (POWER, 2025), consultada el 22 de julio de 2025. Se utilizó el punto central de cada localidad como referencia geográfica para la descarga de datos, considerando el período 2015–2024 para el análisis. Las variables fisiográficas se obtuvieron mediante sistemas de información geográfica (SIG): la pendiente y la altitud se extrajeron a partir de un Modelo Digital de Elevación (DEM) con resolución espacial de 12,5 m, mientras que la distancia a cuerpos de agua se estimó utilizando la distancia euclidiana a partir de la red hidrográfica oficial del Perú.

Table 1: Descripción de las características edafoclimáticas de las localidades distribuidas en los departamentos de Piura y Tumbes. CaCO₃: Carbonatos de calcio, EC: Conductividad eléctrica, P: Fósforo, OM: Materia orgánica, N: Nitrógeno, K: Potasio, pH: Potencial de hidrógeno, CS: Radiación solar incidente, pp: Precipitación, RH: Humedad relativa, Tmean: Temperatura media, WS: Velocidad del viento, Tmax: Temperatura máxima, Tmin: Temperatura mínima, SLI: Elevación sobre el nivel del mar, Slope: Pendiente, DW: Distancia euclidiana a cuerpos de agua.

	Variable	Minimum	Maximum	Mean	Deviation
Edaphic	CaCO ₃ (%)	0.09	2.1	1.03	0.7

	EC (dS/m)	0.03	7.69	0.78	2.08
	P (ppm)	8.42	250.1	84.88	94.85
	OM (%)	0.19	6.7	2.29	2.31
	N (%)	0.03	0.2	0.09	0.04
	K (ppm)	11.1	1321.13	415	396.57
	pH	5.59	8.68	7.37	1.01
Climatic	CS (MJ/m ² /day)	11.2	11.4	11.32	0.09
	pp (mm/day)	190.8	495.6	264.31	86.83
	RH (%)	60.4	73.1	62.59	3.33
	Tmean (°C)	22.9	26.3	25.25	0.97
	WS (m/s)	2.1	4	3.18	0.66
	Tmax (°C)	31.4	39.3	37.85	2.15
	Tmin (°C)	14	20.4	16.45	1.49
Physiographic	SLI (m)	5	180	71.08	50.16
	Slope (%)	0.33	5.13	2.61	1.49
	DW (m)	14.17	2817.37	751.48	894.24

Evaluación fenotípica

Cada árbol evaluado fue identificado mediante un número correlativo asignado según el orden de registro dentro de la parcela. Este número se consignó en el formulario de campo y se utilizó como código único para todas las mediciones posteriores. Siguiendo una adaptación de los criterios establecidos por Albán et al. (2002), se recolectaron datos de variables dasométricas y fenotípicas, utilizando hipsómetros para la medición de alturas y cintas métricas para el DAP y diámetro de copa.

Las variables registradas incluyeron: altura total del árbol (m), altura de la primera ramificación (m), diámetro a la altura del pecho (DAP, cm) medido a 1.30 m del nivel del suelo, aplicando ajustes en función de la morfología del árbol (bifurcaciones, terrenos inclinados) y el diámetro de copa (m),

calculado a partir de la medición de las diagonales mayor y menor. Asimismo, se evaluaron características cualitativas de los árboles como forma de árbol, calidad de fuste, bifurcación, producción de frutos, calidad de frutos y calidad de follaje.

Table 2: Escala de evaluación cualitativa de características morfológicas y funcionales en individuos de *Neltuma pallida*, siguiendo los criterios establecidos por Albán et al. (2002).

Variable	Evaluation criteria
Tree form	1 = Multi-stemmed (<1.2 m) with branches >30°
	2 = Intermediate
	3 = Single stem (<1.2 m) with branches ≤30°
Trunk quality	1 = Defective
	2 = Fair with defects
	3 = No defects or only minor defects
Forking	1 = Below DBH
	2 = At DBH
	3 = No branching
Fruit production	0 = No fruits
	1 = Up to 25% of the branches
	2 = Up to 50%
	3 = Up to 75%
	4 = Up to 100%
Fruit quality	0 = Very bitter
	1 = Bitter

Foliage quality	2 = Sweet
	3 = Very sweet
Foliage quality	1 = Foliage on up to 1/3 of the branches
	2 = Up to 2/3 of the branches
	3 = Full foliage on all branches

La selección de árboles plus se basó en un enfoque integral que consideró tanto atributos cuantitativos como cualitativos. Se estableció un sistema de puntuación basado en rangos para variables cualitativas y cuantitativas, con el objetivo de identificar individuos con rasgos fenotípicos sobresalientes. Para las variables cualitativas se seleccionó a los individuos que presentaron puntuaciones mayores o iguales a tres de la ([Table 2](#)). Y, para las variables cuantitativas, se seleccionaron los individuos que presentaron los valores mayores ([Table 3](#)). Aquellos individuos que presentaron al menos una característica desfavorable (puntuaciones menores o iguales a 1) fueron descartados del proceso de selección, al no cumplir con los criterios mínimos establecidos para su consideración como material superior.

Table 3: Rangos de puntuación para variables cuantitativas utilizadas en la selección de candidatos a árboles plus de *Neltuma pallida*.

Variable	Score Ranges
Diameter at breast height (DBH) (cm)	1 = 10–35 cm
	2 = 36–60 cm
	3 = 61–85 cm
	4 = >86 cm
Total height (m)	1 = 4.0–9.0 m
	2 = 9.1–14.0 m
	3 = 14.1–19.0 m

	4 = 19.1–24.0 m
	5 = 24.1–29.0 m
Branch height (m)	1 = 0–2.0 m
	2 = 2.1–4.0 m
	3 = 4.1–6.0 m
	4 = 6.1–8.0 m
	5 = >8.1 m
Crown diameter (m)	1 = 0–5.0 m
	2 = 6.0–10.0 m
	3 = 11.0–15.0 m
	4 = 16.0–20.0 m
	5 = >21 m

Heredabilidad

La estimación de la heredabilidad se estimó en el sentido amplio (H^2) y de los componentes de varianza fenotípica en poblaciones de *Neltuma pallida*. Se implementó un modelo lineal mixto, el cual permitió estimar componentes de varianza siguiendo el enfoque propuesto por Cullis et al. (2006), adecuado para estructuras jerárquicas y datos desbalanceados (Schmidt et al., 2019). Se ajustó un modelo lineal mixto considerando como efectos fijos la provincia (province) y la localidad (locality), mientras que los efectos aleatorios incluyeron un intercepto general, la provincia y la localidad anidadas. La heredabilidad se calculó usando los siguientes modelos con efectos fijos y aleatorios:

Modelo fijo: $y_{ijk} = \mu + \text{locality}_j + \text{province}_k$

Modelo aleatorio: $y_{ijk} = \mu + (1|\text{province}_k) + (1|\text{locality}_j) + \varepsilon_{ijk}$

Donde y_{ijk} representa la observación del carácter en el individuo i , localidad j y provincia k , y ε_{ijk} es el término de error residual. El número de réplicas se fijó en ocho, correspondiente al máximo número de localidades evaluadas.

Además de la estimación de H^2 , se calcularon las componentes de varianza genética (V.g), varianza ambiental o del error (V.e) y varianza fenotípica total (V.p). Con base en estos valores, se construyó un índice de razón de varianza relativo denominado 'Ratio', expresado como:

$$\text{Ratio} = V_g : V_p : V_e \quad (\text{normalizados respecto a } V_g)$$

Data processing and statistical analysis

Los análisis estadísticos y gráficos se realizaron utilizando el software R, versión 4.5.0 (R Core Team, 2025). La implementación del código, análisis de datos y la configuración del ambiente de trabajo en R se realizó en Quarto (cita) que es un sistema integrado para la redacción y análisis de datos científicos (material suplementario 1).

Para los análisis multivariados, los datos fueron estandarizados (media = 0; varianza = 1) con el fin de homogeneizar la escala de las variables y reducir el sesgo derivado de las distintas unidades de medida (Marcelo-Bazán et al., 2025). Para explorar las relaciones multivariadas entre variables edafoclimáticas y localidades, así como entre variables fenotípicas, localidades e individuos, se empleó un análisis de componentes principales (PCA) utilizando los paquetes *FactoMineR* (Husson et al., 2024) y *factoextra* (Kassambara & Mundt, 2020).

Para el análisis de la diversidad de las variables cualitativas se usó el índice de diversidad fenotípica de Shannon-Weaver (H') implementado en el paquete *vegan* (Oksanen et al., 2025). Para el análisis de las variables cuantitativas se aplicó un análisis de varianza (ANOVA) unifactorial. La comparación de medias entre grupos se realizó mediante la prueba de Tukey con un nivel de significancia de $\alpha = 0.05$, implementada a través del paquete *emmeans* (Lenth et al., 2024). Para identificar patrones en los datos multivariados y representar la estructura de similitud entre localidades, se utilizó análisis de mapas de calor implementado con el paquete *heatmaply* (Galili et al., 2023). Los datos para el gráfico fueron previamente normalizados por columnas y acompañados de dendrogramas jerárquicos construidos sobre la matriz de distancia euclidiana.

Para el cálculo de los parámetros genéticos y heredabilidades en sentido amplio (H^2) se utilizó la función *H2cal()* implementada en el paquete *inti* (Lozano-Isla, 2025), que incorpora los efectos fijos y aleatorios usando el paquete *lme4* (Bates et al., 2025). Se realizó la remoción de valores atípicos ('outliers.rm = TRUE') y de generación de diagnósticos gráficos ('plot_diag = TRUE'). Para la selección de árboles plus se calculó los Best Linear Unbiased Estimator (BLUE).

RESULTS

Caracterización edafoclimática

El análisis de componentes principales (PCA) mostró que los dos primeros componentes explicaron conjuntamente el 59.40 % de la variabilidad total del sistema, correspondiendo el 39.90 % al primer componente (Dim 1) y el 19.50 % al segundo componente (Dim 2). En Dim 1, las variables con mayor contribución fueron pH (12.40 %), CaCO_3 (11.22 %) y P (11.12 %). En Dim 2, las mayores contribuciones provinieron de Tmax (23.67 %), pp (21.54 %) y RH (20.37 %).

En el plano factorial, las variables edáficas N, P, K y OM mostraron una asociación positiva entre sí y se proyectaron hacia el cuadrante positivo de Dim 1. En contraposición, pH y CaCO_3 se orientaron en sentido opuesto, indicando una relación negativa con las anteriores. Entre las variables climáticas, Tmin, pp y RH compartieron una orientación común, mientras que CS se alineó hacia la región opuesta. En cuanto a las variables fisiográficas, no se observó un patrón de asociación clara.

La distribución espacial de las localidades reflejó gradientes ambientales. Monte Azul y Chanchape se agruparon en la zona asociada a mayores contenidos de N, P, K y OM. En cambio, Rica Playa, Pedregal y Marginal forest se posicionaron próximos a los vectores de pH y CaCO_3 , sugiriendo suelos con mayor alcalinidad y carbonatos. En el gradiente climático, Rica Playa, Pedregal y Marginal forest se relacionaron con mayores valores de precipitación (pp), Tmax, Tmin y Tmean. La RH fue menor en Rica Playa, Pedregal y Marginal forest, mientras que Monte Azul y Chanchape registraron valores intermedios. La radiación solar incidente (CS) fue mayor en Monte Azul y Chanchape, mientras que en Rica Playa, Pedregal y Marginal forest presentó valores más bajos. Respecto a las características fisiográficas, Pedregal, KM 190 y Fundo Valdez presentaron menor distancia a cuerpos de agua (DW). Mientras que Kurt Beer, Chanchape y SENASA se localizaron a una mayor distancia. Las localidades con mayor elevación (SLI) fueron CC Ignacio Távara, KM 190 y Monte Azul, en contraste con Pedregal e INIA, que mostraron menor elevación.

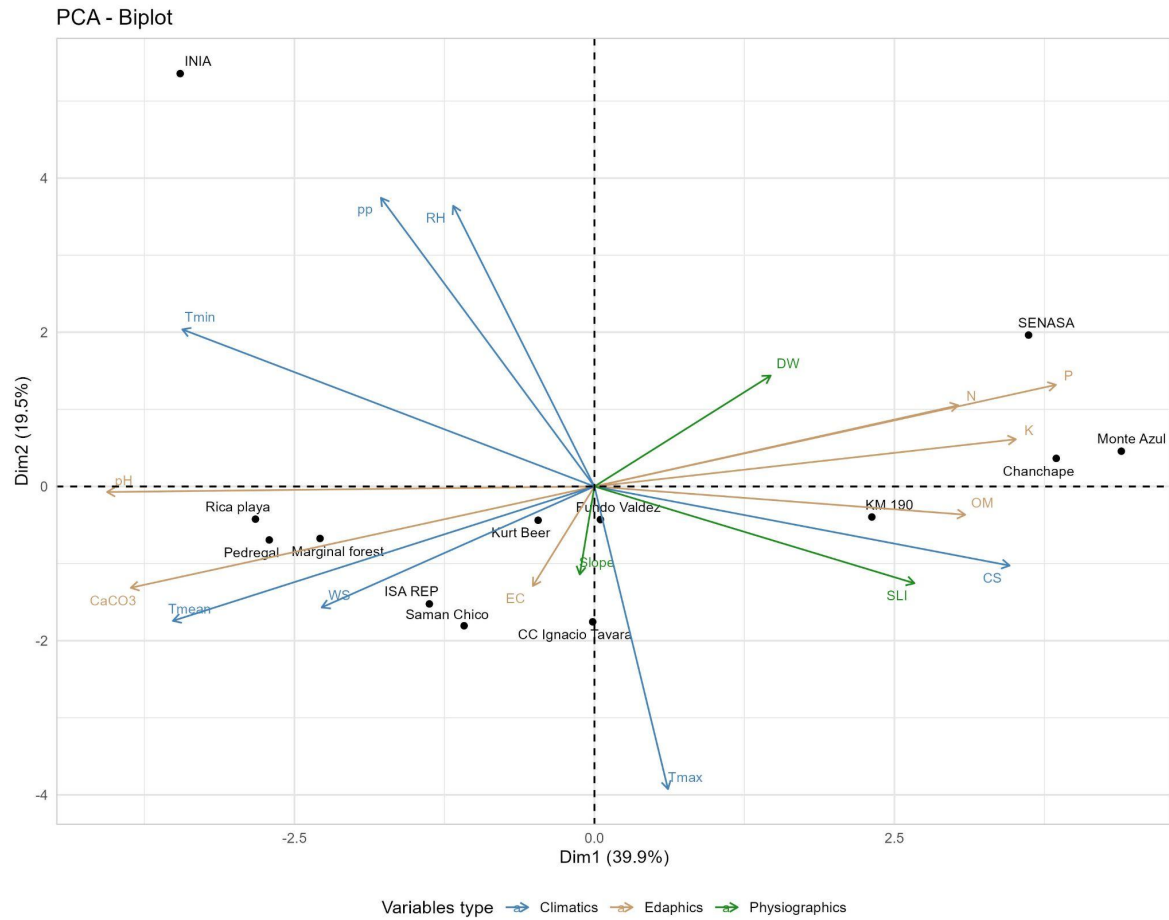


Figure 2: Análisis de componentes principales (PCA) de las propiedades edafoclimáticas en poblaciones de *Neltuma pallida* evaluadas en los departamentos de Piura y Tumbes. Proyección de las variables edafoclimáticas y localidades evaluadas sobre los dos primeros componentes principales, que explican la mayor parte de la varianza total del sistema (n = 631).

Diversidad morfológica

Los estados fenotípicos, frecuencias relativas y valores del índice de Shannon-Weaver (H') para los caracteres cualitativos evaluados se presentan en la [Table 4](#). Se observó un polimorfismo considerable en los rasgos cualitativos, evidenciando una notable variabilidad fenotípica dentro de las poblaciones de *Neltuma pallida*. El índice H' varió entre 0.55 y 1.30, con un valor promedio de 1.01, lo que indica un nivel alto de diversidad fenotípica en relación con los caracteres evaluados. Este índice refleja tanto la riqueza como la equidad de las clases fenotípicas dentro de cada rasgo.

Los caracteres con mayor diversidad fueron la producción de frutos ($H' = 1.30$), la forma del árbol ($H' = 1.09$), la calidad del tronco ($H' = 1.09$), la calidad del follaje ($H' = 1.07$) y la calidad de los frutos ($H' = 1.00$), todos ellos con valores superiores a 1.0, indicando una distribución relativamente equitativa entre las distintas categorías fenotípicas. En contraste, el carácter bifurcación presentó una diversidad fenotípica moderada, con un valor de $H' = 0.55$.

A nivel de distribución de frecuencias, la forma del árbol mostró una predominancia de individuos con morfología intermedia (37.88 %), definida como árboles con características intermedias entre un tallo único con ramas de ángulo cerrado ($\leq 30^\circ$) y estructuras multicaules con ángulos de ramificación más abiertos ($> 30^\circ$). En cuanto a la calidad del tronco, predominó la clase “moderada” (39.30 %), correspondiente a árboles con defectos que afectan entre el 10 % y el 40 % del fuste. Para la producción de frutos, más de la mitad de los árboles evaluados no presentaron frutos (52.61 %), mientras que en la calidad del fruto predominó la categoría “amargo” (53.41 %). En relación con la calidad del follaje, la mayor proporción de individuos (42.00 %) presentó follaje cubriendo hasta dos tercios de las ramas. Finalmente, el rasgo bifurcación mostró una clara tendencia hacia la ausencia de este fenómeno, con un 83.04 % de individuos sin bifurcación.

Table 4: Diversidad fenotípica de caracteres cualitativos en poblaciones de *Neltuma pallida* evaluadas en los departamentos de Piura y Tumbes. Se presentan los estados observados de los descriptores cualitativos y los valores del índice de diversidad de Shannon-Weaver (H') para cada carácter evaluado. Categorizando como baja ($H' = 0.10 - 0.40$), intermedia ($H' = 0.40 - 0.60$) y alta ($H' > 0.60$). Este análisis se basó en 631 observaciones ($n = 631$).

SN	Qualitative traits	Shannon-Weaver index	Descriptor's states	Frecuency	Proportion (%)
1	Tree form	1.09	1 = Multi-stemmed (<1.2 m) with branches >30°	195	30.9
			2 = Intermediate	239	37.88
			3 = Single stem (<1.2 m) with branches ≤30°	197	31.22
2	Trunk quality	1.09	1 = Defective	195	30.9
			2 = Fair with defects	248	39.3
			3 = No defects or only minor defects	188	29.79
3	Forking	0.55	1 = Below DBH	25	3.96
			2 = At DBH	82	13
			3 = No forking	524	83.04
4	Fruit production	1.3	0 = No fruits	332	52.61
			1 = Up to 25 % of the branches	93	14.74
			2 = Up to 50 %	117	18.54
			3 = Up to 75 %	52	8.24
			4 = Up to 100 %	37	5.86
5	Fruit quality	1	0 = Very bitter	337	53.41
			1 = Bitter	14	2.22
			2 = Sweet	223	35.34
			3 = Very sweet	57	9.03
6	Foliage quality	1.07	1 = Foliage on up to 1/3 of the branches	139	22.03

			2 = Up to 2/3 of the branches	265	42
			3 = Full foliage on all branches	227	35.97

Con el objetivo de evaluar la diversidad fenotípica en caracteres cuantitativos, se analizó la variabilidad entre las distintas localidades. Los resultados revelan una marcada heterogeneidad en el comportamiento de los rasgos dendrométricos evaluados, lo que refleja la existencia de diferencias estructurales significativas entre las poblaciones de *Neltuma pallida* ([Figure 3](#)).

El análisis del diámetro a la altura del pecho (DAP) evidenció diferencias significativas entre las localidades ($p\text{-value} < 0.001$). Fundo Valdez (50.07 cm), Monte Azul (46.62 cm) y KM 190 (45.77 cm) presentaron los mayores valores promedio, indicando la presencia de individuos con mayor desarrollo diamétrico. En contraste, ISA REP (15.59 cm) y Rica Playa (16.06 cm) mostraron los valores más bajos, indicando poblaciones con menor crecimiento en grosor del fuste. ([Figure 3a](#)). En cuanto a la altura total, se registraron diferencias estadísticamente significativas entre localidades ($p\text{-value} < 0.001$). Los individuos más altos se observaron en Monte Azul (14.44 m), Fundo Valdez (12.33 m) y Saman Chico (11.40 m), mientras que ISA REP (4.67 m) y Rica Playa (7.95 m) destacaron por presentar las alturas más bajas. ([Figure 3b](#)).

El diámetro de copa también mostró una variabilidad significativa entre localidades ($p\text{-value} < 0.001$). Monte Azul (14.42 m), Saman Chico (14.25 m) y CC Ignacio Távara (14.02 m) registraron los diámetros promedio más altos, indicando individuos con arquitecturas más abiertas y posiblemente mayor dominancia. Por el contrario, ISA REP (6.04 m) y SENASA (6.68 m) presentaron las copas más reducidas. ([Figure 3c](#)). Finalmente, en lo que respecta a la altura de la primera ramificación, se observaron diferencias significativas entre localidades ($p\text{-value} < 0.001$). Fundo Valdez (4.08 m), SENASA (3.21 m) y Monte Azul (3.20 m) mostraron las mayores alturas de ramificación, lo que indica árboles con fustes más limpios. En contraste, ISA REP (1.32 m) y Chanchape (1.71 m) registraron los valores más bajos. ([Figure 3d](#)).

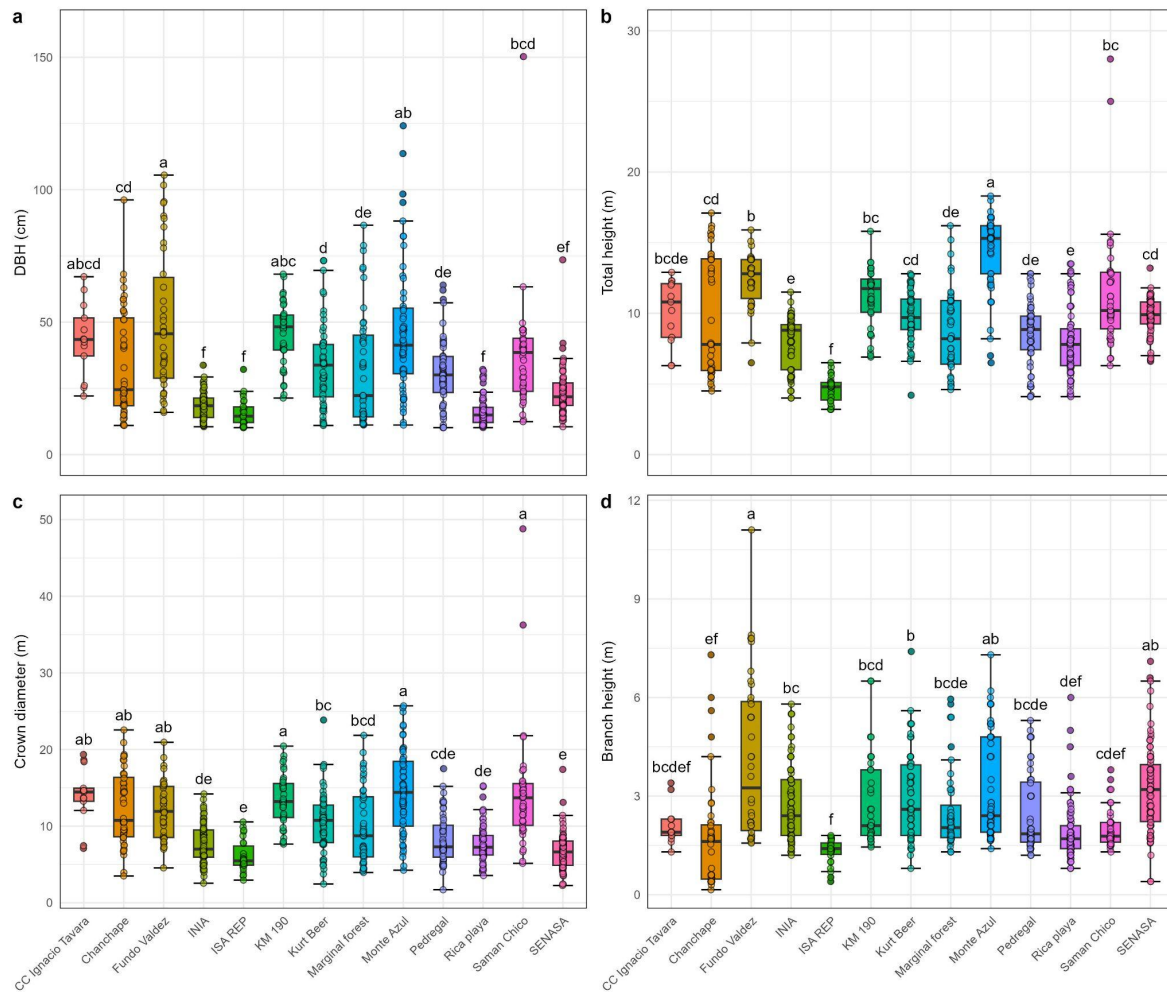


Figure 3: Distribución de caracteres morfológicos cuantitativos en poblaciones de *Neltuma pallida* evaluadas en 13 localidades de los departamentos de Piura y Tumbes. (a) Diámetro a la altura del pecho (DAP). (b) altura total. (c) diámetro de copa. (d) altura de la primera ramificación. Las distribuciones se basan en la evaluación de 631 individuos, lo que permite caracterizar la variabilidad fenotípica entre localidades y proporcionar insumos para la conservación y selección de germoplasma. Letras distintas indican diferencias estadísticamente significativas según la prueba de comparaciones múltiples de Tukey ($p < 0,05$).

El análisis de conglomerados jerárquicos, basado en la combinación de caracteres cualitativos y cuantitativos previamente evaluados, permitió agrupar las 13 localidades de estudio en cuatro grupos diferenciados. Este agrupamiento refleja patrones en la variación fenotípica de las poblaciones de *Neltuma pallida*, evidenciando relaciones entre el comportamiento estructural y funcional de los individuos y su procedencia geográfica (Figure 4).

El Grupo I incluyó a las localidades Saman Chico y Monte Azul, las cuales se distinguieron por albergar individuos con los valores promedio más altos en DAP, con 37.33 cm y 46.62 cm,

respectivamente; altura total de 11.40 m y 14.44 m; y diámetros de copa de 14.25 m y 14.42 m. Estos árboles también destacaron por su alta producción de frutos, los cuales presentaron un sabor muy dulce. Además, mostraron una elevada densidad foliar, con cobertura completa de las ramas.

El Grupo II estuvo conformado por las localidades Kurt Beer, Chanchape y Fundo Valdez. Este grupo presentó valores intermedios de DAP, con promedios de 33.63 cm, 34.20 cm y 50.07 cm, respectivamente. La altura total osciló entre 9.77 m y 12.33 m, mientras que el diámetro de copa varió entre 10.50 m y 12.40 m. Desde el punto de vista cualitativo, los árboles presentaron frutos distribuidos en hasta el 75 % de las ramas, acompañados de un follaje denso que cubría entre dos tercios y la totalidad de las ramas.

El Grupo III estuvo integrado por las localidades Marginal Forest, Pedregal, CC Ignacio Távara y KM 190. Este grupo se caracterizó por individuos con DAP relativamente elevados, que variaron entre 30.81 cm (Pedregal) y 45.77 cm (KM 190). Las alturas totales se mantuvieron en un rango intermedio, desde 8.49 m hasta 11.13 m. El diámetro de copa osciló entre 8.30 m y 14.02 m. En términos cualitativos, los árboles presentaron frutos distribuidos entre el 25 % y el 50 % de las ramas, con sabores que fluctuaron entre agrio y dulce, y un follaje de cobertura parcial, limitándose hasta dos tercios de las ramas.

Finalmente, el Grupo IV comprendió a las localidades INIA, Rica Playa, ISA REP y SENASA, las cuales agruparon individuos con los valores promedio más bajos en todas las variables evaluadas. El DAP fluctuó entre 15.59 cm (ISA REP) y 23.59 cm (SENASA); la altura total osciló entre 4.67 m y 9.80 m; y el diámetro de copa entre 6.04 m y 7.66 m. Estas localidades también se caracterizaron por una baja producción de frutos, presencia frecuente de defectos en el fuste, follaje escaso o de baja calidad y predominancia de frutos de sabor amargo.

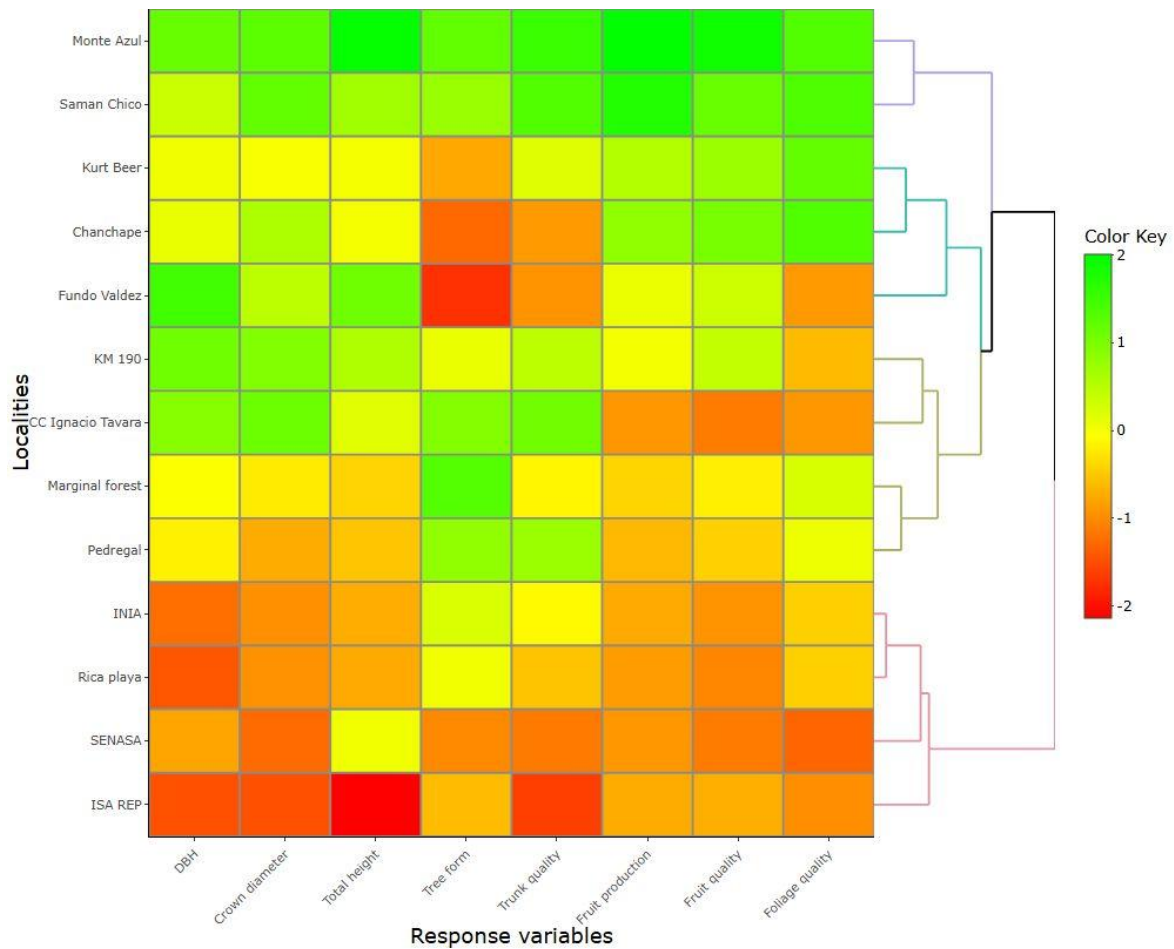


Figure 4: Análisis de conglomerados de 13 localidades de *Neltuma pallida* evaluadas en los departamentos de Piura y Tumbes. El análisis de conglomerados se llevó a cabo utilizando la distancia euclidiana como medida de disimilitud y el método de conglomeración Weighted Pair Group Method using Centroids (WPGMC). La determinación del número óptimo de clústeres se realizó mediante el coeficiente de silueta promedio, lo que permitió identificar agrupaciones de localidades con características morfológicas y fenotípicas similares.

Heredabilidad y selección de árboles plus

Para comprender el potencial de mejoramiento genético de *Neltuma pallida* en las regiones de Piura y Tumbes, resulta fundamental cuantificar la proporción de la variación fenotípica atribuible a efectos genéticos y ambientales. En este sentido, la caracterización fenotípica de 631 individuos pertenecientes a dos poblaciones —una en Tumbes y otra en Piura— permitió estimar los componentes de varianza genética (V_g), varianza del error (V_e), varianza fenotípica total (V_p) y la heredabilidad en sentido amplio (H^2) para siete caracteres morfoestructurales y funcionales evaluados en 5 localidades de Tumbes y 8 de Piura. Los valores de H^2 variaron ampliamente entre caracteres y poblaciones, lo que permitió identificar aquellos con mayor control genético y, por ende, con mayor potencial para ser considerados en programas de selección y mejoramiento.

En la población de Tumbes, el carácter con mayor heredabilidad fue la producción de frutos (fruit_production) con un valor de $H^2 = 0.92$ que indica una característica fenotípica estable y controlada genéticamente. Le siguieron forma del árbol (tree_form, $H^2 = 0.71$) y diámetro a la altura del pecho (dbh, $H^2 = 0.78$), ambos con una relación de componentes de varianza favorable a la expresión genética ($V_g:V_p:V_e = 1:1.4:3.2$ y $1:1.3:2.3$, respectivamente). La altura total (total_height) también mostró una heredabilidad moderada ($H^2 = 0.78$), con una varianza genética superior al error. En contraste, la altura de ramas (branch_height) presentó la H^2 más baja en esta población (0.28).

En la población de Piura, se observó un patrón similar, aunque con valores de heredabilidad más altos. Destaca la producción de frutos con una heredabilidad alta con $H^2 = 0.95$. También se obtuvieron altos valores de H^2 para la altura total (0.78), diámetro del fuste (0.67) y la forma del árbol (0.68), lo que indica una expresión genética consistente en caracteres estructurales clave. Los caracteres diámetro de copa ($H^2 = 0.75$), calidad del fuste (trunk_quality, $H^2 = 0.72$) y altura de ramas ($H^2 = 0.73$) mostraron valores elevados.

Table 5: Caracterización morfológica y fenotípica de poblaciones de *Neltuma pallida* evaluadas en 13 localidades de los departamentos de Piura y Tumbes, Perú. Se presentan los componentes de varianza y heredabilidad en sentido amplio (H^2) estimada según el enfoque de Cullis et al. (2006). Las componentes de varianza incluyen: varianza genética (V_g), varianza fenotípica (V_p), y varianza del error (V_e). The Ratio is the variance ratio base in the V_g for each variance component ($V_g/V_g:V_p/V_g:V_e/V_g$). como indicador de la contribución relativa de la genética frente a los efectos ambientales. El análisis se basó en 631 individuos evaluados.

Population	Trait	Localities	mean	std	min	max	V_g	V_e	V_p	Heritability	Ratio
Tumbes	dbh	5	20.82	5.83	15.6	28.34	28.64	65.91	36.88	0.78	1:1.3:2.3
	crown_diameter	5	7.84	1.28	6.05	9.59	1.27	9.38	2.45	0.52	1:1.9:7.4
	branch_height	5	2.13	0.56	1.32	2.7	0.28	0.87	0.38	0.72	1:1.4:3.2
	total_height	5	7.59	1.66	4.68	8.79	2.53	4.93	3.14	0.8	1:1.2:1.9
	tree_form	5	2.16	0.3	1.77	2.55	0.08	0.26	0.11	0.71	1:1.4:3.2
	trunk_quality	5	1.9	0.34	1.38	2.33	0.1	0.44	0.16	0.65	1:1.5:4.4
	fruit_production	5	1.18	0.26	1	1.57	0.06	0.05	0.07	0.92	1:1.1:0.7
Piura	dbh	8	38.48	8.75	23.6	50.07	67.44	269.9	101.18	0.67	1:1.5:4
	crown_diameter	8	12.05	2.49	6.69	14.43	6	16.29	8.03	0.75	1:1.3:2.7
	branch_height	8	2.72	0.77	1.59	3.89	0.53	2.07	0.79	0.67	1:1.5:3.9
	total_height	8	11.01	1.64	9.77	14.44	2.62	5.81	3.34	0.78	1:1.3:2.2
	tree_form	8	1.92	0.45	1.32	2.5	0.18	0.68	0.27	0.68	1:1.5:3.7
	trunk_quality	8	2.11	0.43	1.58	2.64	0.17	0.53	0.24	0.72	1:1.4:3
	fruit_production	8	2.56	1.31	1	4.58	1.7	0.06	1.71	0.95	1:1.1:0.8

Se realizó un análisis multivariado, en el que se excluyeron aquellas variables con baja contribución a la varianza explicada en el modelo. Tras una evaluación preliminar, se decidió retirar las variables bifurcación y altura de ramificación, al presentar un aporte mínimo a la estructura multivariada de los datos.

El análisis de componentes principales (PCA) permitió explorar la variabilidad fenotípica entre individuos. Los dos primeros componentes principales explicaron en conjunto el 71.00 % de la varianza total del sistema, donde Dim 1 explicó el 54.30 % y Dim 2 el 16.70 %. En Dim 1, las variables que más contribuyeron a la varianza fueron el diámetro de copa (15.75 %), la producción de frutos (15.02 %), la calidad de frutos (14.89 %) y la altura total (14.29 %). La Dim 2 estuvo principalmente influenciada por las variables forma del árbol (40.75 %) y calidad de fuste (24.58 %) ([Figure 5](#)).

El gráfico de variables mostró una agrupación de las variables según su contribución y dirección en el espacio factorial ([Figure 5a](#)). Se identificaron tres asociaciones principales: (i) forma del árbol y calidad de fuste, alineadas sobre Dim 2; (ii) DAP, altura total y diámetro de copa, altamente correlacionadas con Dim 1; y (iii) producción de frutos, calidad de fruto y calidad de follaje, también estrechamente relacionadas con Dim 1, aunque más hacia el cuadrante positivo del eje ([Figure 5a](#)).

En cuanto a la distribución de los individuos, los árboles de las localidades de Monte Azul, Samán Chico y Fundo Valdez se agruparon en la región asociada con valores elevados de DAP, altura total y diámetro de copa ([Figure 5b](#)). Adicionalmente, Monte Azul y Samán Chico se distinguieron por su alta producción de frutos, así como por la calidad de los frutos (muy dulces) y una excelente calidad del follaje, caracterizado por la presencia de hojas en la totalidad de las ramas. En contraste, los individuos de las localidades de Rica Playa, ISA REP y SENASA se situaron en el cuadrante opuesto del plano, asociados a valores más bajos de forma del árbol y calidad de fuste ([Figure 5b](#)).

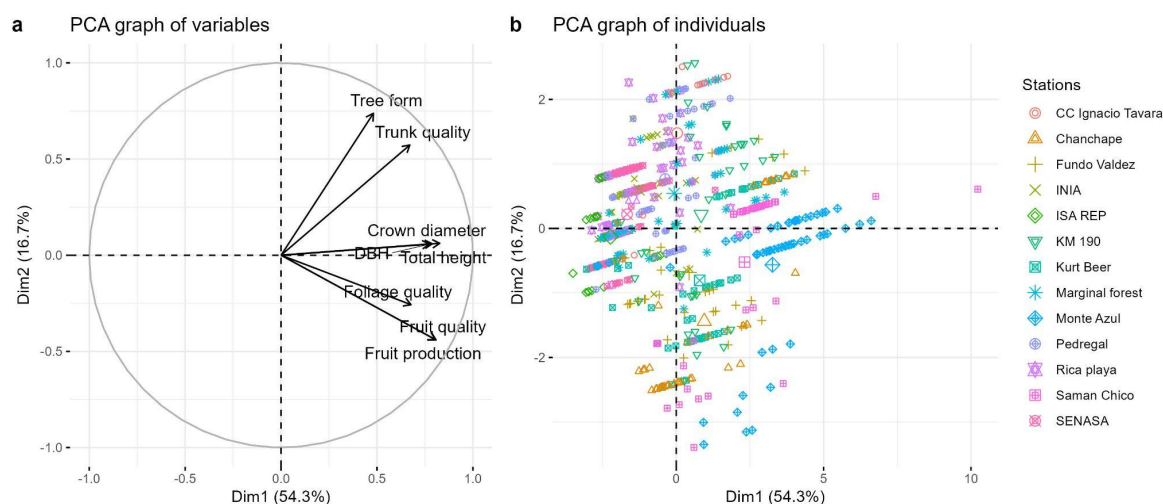


Figure 5: Análisis de componentes principales (PCA) de las características morfológicas y fenotípicas de poblaciones de *Neltuma pallida* evaluadas en los departamentos de Piura y Tumbes. (a) Proyección de las variables morfológicas y fenotípicas sobre los dos primeros componentes principales, que explican la mayor parte de la varianza total del sistema. (b) Distribución de los individuos agrupados por localidad en el espacio multivariado definido por los componentes principales, en función de sus características morfológicas y fenotípicas. El análisis se realizó sobre un total de 631 observaciones ($n = 631$).

Se identificaron ocho árboles pertenecientes a la localidad de Monte Azul - Piura. Los que destacaron por su elevado vigor, fuste bien conformado, alta capacidad de fructificación y densa cobertura foliar. Estos individuos cumplieron con la totalidad de los criterios cualitativos y cuantitativos favorables establecidos, por lo que fueron seleccionados como árboles plus. Estos ejemplares presentaron una destacada expresión morfofenotípica en comparación con el resto de la población. Sobresalieron por sus atributos fenotípicos superiores, particularmente en cuanto a producción de frutos y generación de biomasa. Mostraron un desarrollo vegetativo vigoroso, estrechamente relacionado con las condiciones del hábitat y su estado de conservación. Estos árboles se caracterizaron por un fuste recto y bien conformado, follaje denso que cubría entre dos tercios y la totalidad de las ramas, alta producción y calidad de frutos, presencia de un único tallo sin bifurcaciones visibles y ausencia de defectos estructurales.

Desde el punto de vista cuantitativo, los árboles plus registraron los mayores valores en las variables evaluadas. El diámetro a la altura del pecho (DAP) tuvo un promedio de 59.52 cm. La altura de la primera rama varió entre 4.20 m y 6.20 m, superando ampliamente al promedio poblacional, que rara vez excedió los 3 m. En cuanto a la altura total, los árboles plus alcanzaron un promedio de 16.05 m, valores considerados óptimos para individuos que han completado su desarrollo. El diámetro de copa promedió fue de 15.83 m, reflejando una arquitectura globosa con abundante biomasa. Respecto a las variables cualitativas, todos los árboles plus presentaron tallos sin bifurcaciones. En términos de

forma del árbol, los individuos mostraron un solo tallo dominante. Para la calidad del tronco, los árboles fueron clasificados como "buenos", es decir, sin defectos o con defectos mínimos. Todos los individuos plus presentaron fructificación abundante, con frutos presentes en el 50 % o hasta el 100 % de las ramas, y con frutos clasificados como muy dulces o dulces. En cuanto a la calidad del follaje, se observó cobertura foliar en al menos $2/3$ del ramaje hasta la totalidad de las ramas.

DISCUSSION

Neltuma pallida, conocido como algarrobo, es una especie forestal leguminosa importante de los bosques secos del norte del Perú, adaptada a condiciones climáticas cálidas y suelos áridos, con un alto valor ecológico, económico y sociocultural (La Torre et al., 2025). Sin embargo, la especie actualmente se encuentra amenazada por plagas, enfermedades y la degradación progresiva de su ecosistema natural (Caycho et al., 2023). En el presente estudio se analizó la diversidad morfológica y fenotípica de *Neltuma pallida* presente en 13 localidades con diferentes condiciones edafoclimáticas donde se encontraron diferencias en fertilidad del suelo, clima y topografía. Nuestros resultados muestran que las características morfofenotípicas de los individuos provenientes de diversas localidades de los departamentos de Piura y Tumbes poseen un alto grado de polimorfismo, evidenciando variabilidad genética entre las poblaciones estudiadas. En este contexto, se estimaron los coeficientes de heredabilidad de los rasgos con el objetivo de identificar aquellos con mayor control genético y con mayor potencial de respuesta a la selección. Como resultado, se identificaron individuos con fenotipos superiores como candidatos ideales para su incorporación en un banco de germoplasma, con miras a su uso en programas de mejoramiento genético orientados a la restauración y conservación de esta especie,

Condiciones edafoclimática

El análisis edafoclimático realizado en las localidades evaluadas evidenció diferencias en factores edáficos, climáticos y fisiográficos ([Figure 2](#)), mostrando que estos componentes pueden influir en la distribución y desarrollo de la vegetación (Villagra et al., 2005; Yang et al., 2022). En el presente estudio, las variables edáficas tuvieron mayor influencia sobre la expresión morfofenotípica de *Neltuma pallida*. Las localidades de Monte Azul y Chanchape presentaron valores más altos de N, P, K y materia orgánica (OM), asociados a individuos con mayor vigor, mayores dimensiones estructurales y fenotipos superiores en producción de frutos y calidad foliar. En contraste, Rica Playa e ISA REP mostraron altos niveles de carbonatos (CaCO_3) y pH elevado, asociados a individuos con características morfofenotípicas desfavorables. Esto podría estar explicado por factores como la disponibilidad de fósforo, que es particularmente relevante en suelos pobres en nutrientes y puede limitar el crecimiento vegetal (Jiang et al., 2019). La materia orgánica, que no solo mejora la fertilidad, sino también la estructura del suelo (Hoffland et al., 2020). El pH, que pudo influir directamente en la disponibilidad de nutrientes y en la actividad microbiana, aspectos fundamentales para el desarrollo de los árboles (Neina, 2019; Ni et al., 2021).

Esta evidencia respalda la hipótesis de que el bajo vigor observado en ISA REP y Rica Playa podría estar relacionado con un estrés salino derivado del alto contenido de CaCO_3 y pH elevado en el suelo (Bello et al., 2021). Nuestros resultados se asemejan a lo mencionado por Meglioli et al. (2025), quien

observó reducciones de altura y biomasa aérea en *Neltuma flexuosa* y *N. chilensis* bajo estrés salino. Pero con individuos tolerantes, lo que indica un posible papel de la variabilidad genética. El caso de Samán Chico refuerza este supuesto, ya que, pese a sus altos niveles de CaCO_3 y conductividad eléctrica (CE), presentó individuos con buen desarrollo, sugiriendo una posible tolerancia genética al estrés salino (Amin et al., 2021; M. Zhang et al., 2021).

En cuanto a las variables climáticas, Rica Playa, Pedregal y Marginal forest registraron valores ligeramente mayores de pp, Tmin y Tmean, y menores de RH, mientras que Monte Azul y Chanchape mostraron valores intermedios ([Figure 2](#)). Las variables fisiográficas (distancia a cuerpos de agua (DW) y pendiente) tampoco mostraron influencia sobre los rasgos evaluados. Aunque Pedregal, KM 190 y Fundo Valdez presentaron menor DW; y CC Ignacio Távara, KM 190 y Monte Azul mayores valores de SLI ([Figure 2](#)), estas diferencias no se asociaron a cambios fenotípicos. Sadia et al. (2024) indican que factores como pH, materia orgánica, P y K disponible son importantes en la distribución de las plantas, pero su efecto debe entenderse en interacción con variables bióticas y abióticas. Asimismo, Barboza et al. (2024) identificó variables climáticas como temperatura media del trimestre más lluvioso, temperatura máxima del mes más cálido, altitud y precipitación anual como determinantes para la idoneidad de *N. pallida*. Sin embargo, en nuestro caso, la relativa homogeneidad climática redujo su influencia. Por lo tanto, se presume que su variación fue insuficiente para explicar diferencias fenotípicas relevantes, lo que coincide con Baselly-Villanueva et al., (2024) y Rufasto-Peralta et al., (2023), quienes indican que a escala local las variables edáficas suelen ser más determinantes que las climáticas y fisiográficas. Esta interacción compleja entre suelo, ambiente y genética debe ser considerada en estrategias de conservación, restauración y mejoramiento genético de *Neltuma pallida*.

Diversidad en poblaciones de algarrobo

La caracterización morfofenotípica de individuos provenientes de las localidades de los departamentos de Piura y Tumbes reveló un alto grado de polimorfismo ([Table 4](#)). Esta variabilidad intraespecífica sugiere la existencia de diversidad genética entre las poblaciones evaluadas. El índice de diversidad fenotípica H' mostró valores elevados, indicando una amplia variación entre los caracteres analizados (Sun et al., 2019; Yadav et al., 2018). El rasgo con mayor diversidad fue la producción de frutos, mientras que el carácter de bifurcación presentó una diversidad moderada ([Table 4](#)). Respecto a los caracteres dendrométricos, el análisis de varianza evidenció una heterogeneidad significativa en su comportamiento ([Figure 3](#)), lo que podría indicar diferencias estructurales entre las poblaciones. Bessega et al. (2025), en su estudio con *Neltuma flexuosa*, plantean que diferencias en caracteres como la altura y el diámetro basal pueden tener una base genética. Sin embargo, menciona que su expresión puede estar modulada por condiciones ambientales locales, generando características más favorables para cada sitio. Vega et al. (2023), al analizar la estructura espacial de caracteres

fenotípicos en *Neltuma alba* argumentan que esta especie exhibe una alta capacidad de adaptación a la heterogeneidad ambiental. Lo que puede favorecer procesos de adaptación local, sugiriendo que ciertos rasgos morfológicos están asociados a las variables del entorno donde se desarrollan las poblaciones.

Nuestros resultados se asemejan a lo reportado por Esparza-Orozco et al. (2025), quien identificó diferencias fenotípicas significativas entre poblaciones de *Neltuma spp.* en función de su ubicación geográfica. Lo que sugiere que la fenología y morfología de estas especies podría estar fuertemente influenciada por factores ecológicos. Esta interpretación es reforzada por Vidaković et al. (2021), quien sostiene que las interacciones entre el ambiente y la geografía podrían explicar los patrones observados de variación fenotípica. Manifestando posibles procesos de aislamiento por ambiente y por distancia que podrían generar un inicio de diferencias entre las poblaciones. En nuestro estudio, las localidades de Monte Azul, Chanchape y Samán Chico (Piura) destacaron por presentar individuos con superioridad morfológica y fenotípica, en contraste con las localidades de Rica Playa, ISA REP y SENASA (Tumbes). Esta evidencia podría respaldar la hipótesis sobre la acción simultánea de aislamiento geográfico y ambiental en la estructuración genética y fenotípica de las poblaciones. Wang et al. (2023) sostiene que una alta variación fenotípica se puede reflejar en una alta diversidad genética. Por ello, la evaluación fenotípica puede constituir un método directo y efectivo para estimar la diversidad presente en recursos de germoplasma forestal.

Influencia genética e identificación de árboles plus

La influencia genética observada en *Neltuma pallida* refleja un patrón consistente con lo reportado en especies forestales de ambientes contrastantes, donde los coeficientes de heredabilidad altos permitieron anticipar ganancias en los programas de selección. En los resultados se encontró que la producción de frutos ($H^2 \approx 0.92-1.00$) presentó heredabilidades altas que evidencian un fuerte control genético y un bajo efecto ambiental, lo que garantiza una alta respuesta a la selección. Por otro lado, las heredabilidades medias-altas registradas para caracteres estructurales como diámetro a la altura del pecho (DAP), altura total y diámetro de copa confirman que los rasgos de crecimiento vegetativo son características que permiten el desarrollo de programas de mejoramiento. Estos resultados se alinean con hallazgos recientes en *Pinus pinaster* y *Juglans mandshurica*, donde los componentes de tamaño mostraron heredabilidades superiores a las variables de forma, ratificando su valor en los primeros ciclos de mejoramiento (Torres-Sánchez et al., 2024; Q. Zhang et al., 2024). Así, la priorización de atributos con alta heredabilidad y estabilidad temporal, como rectitud de fuste o ángulo de inserción de ramas, no solo optimiza la precisión de la selección, sino que reduce la influencia de factores ambientales y de la interacción genotipo $\times$ ambiente, condición crucial en ecosistemas heterogéneos como el bosque seco.

Tal como lo afirman , los árboles con características plus se ubican predominantemente en Piura (70%), Tumbes (20%) y Lambayeque (10%).

La identificación de árboles plus en este estudio se sustentó en la valoración individual, la cual permitió discriminar individuos sobresalientes en términos de producción de frutos, vigor vegetativo y arquitectura de copa. Esta selección se dio en trece localidades distribuidas en las regiones de Piura y Tumbes de Perú, donde se reportó que se encuentra el 90% de árboles con características sobresalientes, según Castro et al., (2025). Si bien la selección de árboles plus se realizó en base a características fenotípicas, esta selección puede complementarse con la comparación con árboles vecinos, lo que reduce los sesgos derivados de micrositio y edad y mejora la exactitud de la estimación genética (Vallejos et al., 2010). Los resultados multivariados mostraron que los individuos procedentes de Monte Azul, Chanchape y Samán Chico en la región de Piura se agruparon en las dimensiones asociadas a mayor rendimiento y biomasa. La consolidación de estos candidatos requiere su validación en ensayos de progenie y bancos clonales, así como el empleo de herramientas modernas de fenotipado y selección genómica, que ya han demostrado su potencial para acelerar los intervalos generacionales y mitigar los efectos de G×E en programas forestales (Castro et al., 2025; Duarte et al., 2024). Los ocho individuos seleccionados constituyen una base sólida para el establecimiento de huertos semilleros y la formación de bancos de germoplasma, contribuyendo a la restauración productiva y sostenible del bosque seco peruano.

Limitaciones y perspectivas

A pesar de los avances alcanzados en la identificación de individuos superiores de *Neltuma pallida*, quedan interrogantes sobre si las características destacadas observadas responden principalmente a la influencia de las condiciones edafoclimáticas locales o si reflejan un verdadero potencial genético. La heterogeneidad en fertilidad de suelos, niveles de salinidad y disponibilidad de nutrientes entre las localidades evaluadas pudo haber condicionado la expresión fenotípica. Esto genera el riesgo de sobreestimar individuos con ventajas derivadas de la plasticidad ambiental y no de su genotipo. En este sentido, se reconoce la necesidad en futuros trabajos de complementar la selección basada en rasgos morfofenotípicos con análisis de base genética con el uso de marcadores moleculares o pruebas de progenie, que permitan discriminar con mayor precisión los efectos ambientales. De esta manera, futuros estudios podrían fortalecer los programas de mejoramiento genético y asegurar que los individuos seleccionados no solo expresen caracteres deseables en condiciones particulares de sitio, sino que además conserven ventajas adaptativas, como resistencia a estrés abiótico o mayor potencial de crecimiento, en diferentes escenarios ecológicos.

CONCLUSIONS

La caracterización morfofenotípica de *Neltuma pallida* en las regiones de Piura y Tumbes evidenció una amplia variabilidad intra e interpoblacional, reflejada en el alto grado de polimorfismo observado. Las diferencias edafoclimáticas entre localidades influyeron en la expresión de los caracteres evaluados, mientras que la estimación de heredabilidad permitió identificar rasgos con mayor potencial de respuesta a la selección. Estos resultados posibilitaron la identificación de ocho individuos superiores como árboles plus, constituyendo una base para el establecimiento de bancos de germoplasma y el desarrollo de programas de mejoramiento genético orientados a la conservación y restauración de esta especie en ecosistemas de bosque seco tropical.

PATENTS

Author Contributions

Conceptualization, XX., XX, and XX.; methodology, XX.; formal analysis, .; investigation,; data curation, ; writing—original draft preparation, ; writing—review and editing, ; visualization,. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding

This work was funded by the National Institute of Agricultural Innovation (INIA), Peru, through investment project No. 2472190 'El Chira'.

Data availability Statement

The original contributions presented in this study are included in the article and supplementary material. Reproducible datasets and data analysis are available in Supplementary File 1 and can be accessed via the GitHub repository at: https://github.com/Sebass96/INIA_algarrobo.git

Acknowledgments

Los autores expresan su agradecimiento a la Dirección de Estudios e Investigación del Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre (SEFOR) por el valioso apoyo brindado en la colecta de datos en campo.

Conflict of Interest

The authors declare that they have no conflicts of interest.

REFERENCES

manuscript_en

Morpho-phenotypic evaluation of algarrobo (*Neltuma pallida*) for the identification of superior individuals in dry forest ecosystems

Sebastian Casas-Niño^{1,2*}; Juan Rodrigo Baselly-Villanueva⁴; Evelin Judith Salazar-Hinostroza⁴; Sheyla Yanett Chumbimune-Vivanco⁴; William Naurai⁵; Nery Tirabante Terrones⁶; Max Ramirez Rojas¹; Flavio Lozano-Isla^{1,7*}.

¹ *Dirección de Supervisión y Monitoreo en las Estaciones Experimentales - Estación Experimental Agraria El Chira, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Piura 20120, Perú.*

² *Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú.*

³ *Estación Experimental Agraria San Roque, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), 16000, Calle San Roque 209, San Juan Bautista, Maynas, Loreto, Perú.*

⁴ *Dirección de Investigación y Desarrollo Tecnológico, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). Lima. Perú.*

⁵ *Dirección de Estudios e Investigación, Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre. Lima, Perú.*

⁶ *Universidade Estadual de Campinas, Caixa Postal 6109, 13083-970 Campinas (SP).*

⁷ *Facultad de Ingeniería y Ciencias Agrarias, Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas (UNTRM), Amazonas 01001, Perú.*

*Corresponding author: 20140231@lamolina.edu.pe; flavio.lozano@untrm.edu.pe

ORCID IDs

Author	ORCID	email
Sebastian Casas-Niño	0000-0002-6576-8761	20140231@lamolina.edu.pe
Juan Rodrigo Baselly-Villanueva	0000-0001-7795-7925	jbaselly@inia.gob.pe
Evelin Judith Salazar Hinostroza	0000-0002-8878-430X	esalazar@inia.gob.pe
Sheyla Yanett Chumbimune Vivanco	0000-0002-2485-0988	20081043@lamolina.edu.pe
William Nauray	0000-0003-2114-1518	wnauray@serfor.gob.pe
Nery Tirabante Terrones	0000-0002-0634-1522	nery@lgf.ib.unicamp.br
Max Ramirez Rojas	0000-0003-3322-0838	proyectochoira@inia.gob.pe
Flavio Lozano-Isla	0000-0002-0714-669X	flavio.lozano@untrm.edu.pe

ABSTRACT

Neltuma pallida, a keystone species of the dry forest, is currently under severe threat, underscoring the urgent need for its conservation and genetic improvement. This study aimed to identify superior (“plus”) trees of algarrobo in Piura and Tumbes through detailed morpho-phenotypic characterization. A stratified random sampling design was implemented, establishing forest plots to evaluate individual trees. Dendrometric and phenotypic traits were recorded, complemented by physiographic, climatic, and edaphic data obtained through soil sampling and geographic information systems. Individuals were classified as plus trees when they displayed outstanding attributes without unfavorable traits. The results revealed a high degree of morphological variability among populations, with superior individuals identified in height, diameter, stem form, and fruit production. Differences in soil fertility exerted significant influence on phenotypic expression. Heritability coefficients were estimated for key traits, allowing the identification of those under greater genetic control and with higher potential response to selection. As an outcome, elite trees were selected and incorporated into a germplasm bank to support genetic improvement programs aimed at ecological restoration and long-term conservation of algarrobo in the Peruvian dry forest. This work provides a foundation for sustainable management strategies grounded in local genetic variability and agroecological knowledge of the ecosystem.

Keywords: Plus trees; dry forest; morphological characterization; genetic improvement; phenotypic variability.

INTRODUCTION

Neltuma pallida, commonly known as algarrobo, belongs to the genus *Neltuma*, previously classified within *Prosopis* [1]. It is recognized as a valuable forest resource in arid and semi-arid regions [2] due to its ability to fix atmospheric nitrogen in soils [3], its longevity, and its durable hardwood of high economic value [4]. From an ecological perspective, algarrobo enhances soil fertility and moisture retention, moderates extreme conditions by creating microclimates beneath its canopy [5], and contributes to the stabilization of fragile desert ecosystems through processes of desalination and microclimatic amelioration [4]. In addition, the species plays a role in climate change mitigation through atmospheric carbon sequestration [6].

Despite these multiple benefits, algarrobo is considered one of the most threatened genetic resources in South America [7]. Agricultural expansion, urbanization, and the rise of agroindustrial crops have transformed extensive areas of tropical dry forest [8], leading to biodiversity loss and ecosystem service decline. In northern Peru, the regions of Piura, Tumbes, Lambayeque, and La Libertad have been especially impacted by deforestation and land-use change [9]. Beyond anthropogenic pressures, *N. pallida* populations have also been severely affected by biotic agents. More than 130 insect species have been associated with algarrobo [10–12], among which *Enallodiplosis discordis* Gagné 1994 is particularly damaging. In its larval stage, this gall midge feeds on leaflets and has been identified as the principal cause of widespread dieback in algarrobo populations [13].

Given this scenario, monitoring and conservation actions have become imperative [9], especially since algarrobo has been declared a priority species for research, conservation, and protection by the Peruvian government [14]. In this context, genetic and morphological characterization studies are critical, as they allow for the precise distinction of species or local ecotypes and the design of conservation strategies focused on populations with higher adaptive value or greater risk of extinction [15]. Achieving adequate characterization requires the evaluation of both quantitative and qualitative attributes. Beseega [16] emphasized that individual selection has major implications for genetic resource management and that adaptive phenotypic traits, as well as population origin, should be carefully considered before initiating any selection program. In this regard, phenotypic evaluation is a key step in identifying plus trees [17] - individuals with superior phenotypes in one or more economically important traits that may serve as progenitors in genetic improvement and conservation programs [18–20]. In general, traits selected for breeding should (a) exhibit strong genetic control, (b) display high genetic variation, and (c) preferably be easy to measure [21].

The effectiveness of phenotypic characterization and plus tree selection is supported by numerous studies, where phenotypically outstanding trees for one or more economically valuable traits [19] have been successfully used for both conservation and genetic improvement [22,23]. Heritability is a population - and site - dependent parameter, with estimates varying according to the families included

in the assessment, tree age, and the testing environment. This parameter expresses the proportion of variance attributable to genetic transmission from parents to offspring, with values ranging from 0 to 1 [24]. For *Neltuma chilensis*, Chequer [25] reported moderate heritability for traits such as biomass ($h^2 = 0.28$) and spine length ($h^2 = 0.22$), emphasizing the importance of considering both provenance and intrafamily variability to maximize genetic gain. Complementary work by López [26] on *Neltuma alba* under drought stress demonstrated the relevance of functional intraspecific diversity and local adaptation, identifying distinct physiological strategies of drought tolerance linked to leaf morphological traits and genetic variation. These findings reinforce the need to prioritize provenances adapted to changing environmental conditions. Likewise, in species such as *Swietenia macrophylla* [27] and *Cedrela odorata* [28], heritability estimates have been used to prioritize genotypes of high genetic value.

Despite its ecological and productive significance, *Neltuma pallida* (Humb. & Bonpl. ex Willd.) Hughes & G.P. Lewis [1] still lacks integrated studies addressing phenotypic characterization, local adaptation, and plus tree selection in natural populations. To address this gap, the present study aims to characterize algarrobo (*Neltuma pallida*) in populations from Piura and Tumbes, through the evaluation of phenotypic traits, edaphoclimatic conditions, and heritability estimates, with the objective of identifying plus trees with potential for inclusion in future genetic improvement and conservation programs.

MATERIALS AND METHODS

Study Area

Qualitative and quantitative evaluations of *Neltuma pallida* were conducted across 13 localities in the departments of Piura and Tumbes, northwestern Peru ([Figure 1](#)). In Tumbes, sampling was carried out in the districts of Zorritos (Contralmirante Villar Province), San Jacinto, and Corrales (Tumbes Province). In Piura, the evaluated districts included Marcavelica and Sullana (Sullana Province), La Matanza and Chulucanas (Morropón Province), and Veintiséis de Octubre (Piura Province).

Both departments are located within the tropical dry forest ecoregion, the natural habitat of *N. pallida*. Piura lies between 4°05' and 6°22' S latitude and 79°00' and 81°07' W longitude. In the study sites of this department, the average maximum temperature reaches 38.1 °C, while the mean minimum temperature is 15.7 °C. Rainfall is seasonal and scarce, with an annual average of 226.7 mm [29]. Tumbes is situated further north, between 3°22'56.81" and 4°19'3.48" S latitude and 80°2'46.90" and 80°7'37.43" W longitude. Study sites in this region recorded an average maximum temperature of 37.5 °C and a mean minimum of 17.7 °C. As in Piura, rainfall is seasonal, but with higher accumulation, reaching an annual mean of 324.5 mm [29].

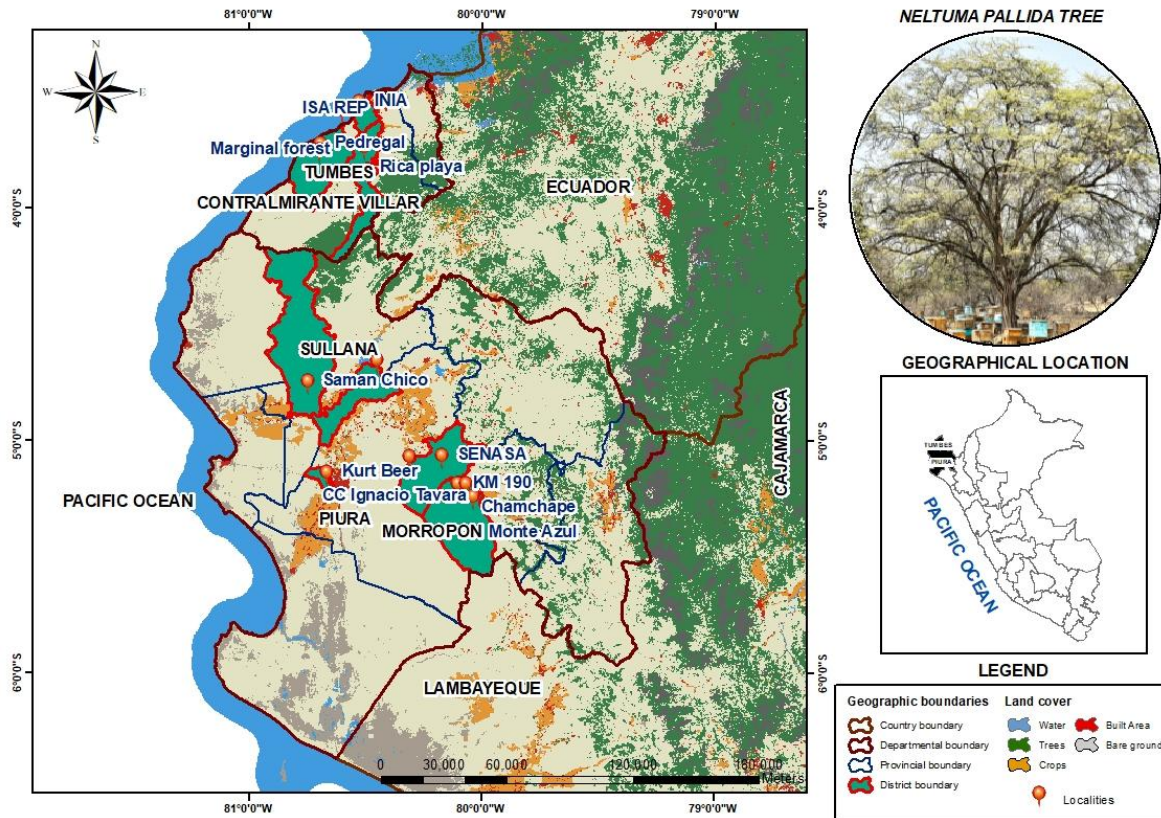


Figure 1: Geographic distribution of the 13 study sites where *Neltuma pallida* was evaluated in Piura and Tumbes, northwestern Peru.

Tree sampling methodology

A stratified random sampling design was employed, establishing plots in each study locality that exhibited relatively homogeneous habitat conditions. Within these areas, sampling units were randomly selected, with priority given to zones of higher individual density and canopy cover. Each sampling unit consisted of a 0.5 ha (5,000 m²) forest plot, the recommended area for forest inventories in dry forests of the Peruvian coastal region [30]. Plots were established with dimensions of 250 m × 20 m, in accordance with technical guidelines. Within each plot, 10 subplots of 50 m × 10 m were delineated, where all individuals with a diameter at breast height (DBH) ≥ 10 cm were recorded [31]. The assessment included both adult trees and saplings, with their principal morphological and phenotypic traits documented.

Edaphoclimatic data collection

Soil variables were collected directly in the field. Prior to soil sampling, an exploratory survey was conducted in each study area to identify homogeneous zones in terms of relief, surface color, texture,

and land-use type. Based on this preliminary characterization, a random sampling design was applied following a zigzag pattern. At each sampling point (every 15–30 steps), a subsample was extracted with a shovel at a uniform depth of 20–30 cm. For each hectare, between 20 and 30 subsamples were collected and deposited in a clean plastic bucket, mixed thoroughly, and homogenized to form a composite sample [32]. The mixture was subsequently quartered until an approximate volume of 1 kg was obtained. During this process, visible residues of fresh organic matter, stones, and gravel were removed. The final sample was stored in a double clean plastic bag, properly labeled with essential information (identification code, geographic location, sampling date) and hermetically sealed. Samples were then transported to the laboratory for subsequent physicochemical analysis.

Climatic variables were obtained from NASA’s Prediction Of Worldwide Energy Resources [29] database, accessed on 22 July 2025. The geographic centroid of each locality was used as a reference point for data extraction, considering the period 2015–2024 for analysis. Physiographic variables were derived from Geographic Information Systems (GIS): slope and elevation were extracted from a Digital Elevation Model (DEM) with a spatial resolution of 12.5 m, while distance to water bodies was estimated using Euclidean distance from Peru’s official hydrographic network.

Table 1: Description of the edaphoclimatic characteristics of the study localities distributed across the departments of Piura and Tumbes. CaCO₃: calcium carbonates; EC: electrical conductivity; P: phosphorus; OM: organic matter; N: nitrogen; K: potassium; pH: hydrogen potential; CS: incoming solar radiation; pp: precipitation; RH: relative humidity; Tmean: mean temperature; WS: wind speed; Tmax: maximum temperature; Tmin: minimum temperature; SLI: elevation above sea level; Slope: slope; DW: Euclidean distance to water bodies.

	Variable	Minimum	Maximum	Mean	Deviation
Edaphic	CaCO ₃ (%)	0.09	2.1	1.03	0.7
	EC (dS/m)	0.03	7.69	0.78	2.08
	P (ppm)	8.42	250.1	84.88	94.85
	OM (%)	0.19	6.7	2.29	2.31
	N (%)	0.03	0.2	0.09	0.04
	K (ppm)	11.1	1321.13	415	396.57

	pH	5.59	8.68	7.37	1.01
Climatic	CS (MJ/m ² /day)	11.2	11.4	11.32	0.09
	pp (mm/day)	190.8	495.6	264.31	86.83
	RH (%)	60.4	73.1	62.59	3.33
	Tmean (°C)	22.9	26.3	25.25	0.97
	WS (m/s)	2.1	4	3.18	0.66
	Tmax (°C)	31.4	39.3	37.85	2.15
	Tmin (°C)	14	20.4	16.45	1.49
Physiographic	SLI (m)	5	180	71.08	50.16
	Slope (%)	0.33	5.13	2.61	1.49
	DW (m)	14.17	2817.37	751.48	894.24

Phenotypic evaluation

Each evaluated tree was assigned a sequential identification number based on the order of registration within the plot. This number was recorded in the field form and served as a unique code for all subsequent measurements. Following an adaptation of the criteria established by Alban [33], data were collected on dendrometric and phenotypic variables. Tree heights were measured using hypsometers, while DBH and crown diameters were measured with metric tapes.

The recorded variables included: total tree height (m); height of the first branching (m); diameter at breast height (DBH, cm), measured at 1.30 m above ground level with adjustments for tree morphology (e.g., bifurcations, sloping terrain); and crown diameter (m), calculated from the average of the longest and shortest crown diameters. In addition, qualitative traits were evaluated, including tree form, stem quality, branching pattern, fruit production, fruit quality, and foliage quality.

Table 2: Qualitative evaluation scale of morphological and functional traits in *Neltuma pallida* individuals, following the criteria of Alban [33].

Variable	Evaluation criteria
Tree form	1 = Multi-stemmed (<1.2 m) with branches >30°
	2 = Intermediate
	3 = Single stem (<1.2 m) with branches ≤30°
Trunk quality	1 = Defective
	2 = Fair with defects
	3 = No defects or only minor defects
Forking	1 = Below DBH
	2 = At DBH
	3 = No branching
Fruit production	0 = No fruits
	1 = Up to 25% of the branches
	2 = Up to 50%
	3 = Up to 75%
	4 = Up to 100%
Fruit quality	0 = Very bitter
	1 = Bitter
	2 = Sweet
	3 = Very sweet
Foliage quality	1 = Foliage on up to 1/3 of the branches
	2 = Up to 2/3 of the branches
	3 = Full foliage on all branches

Plus tree selection

The selection of plus trees was based on an integrative approach that considered both quantitative and qualitative attributes. A scoring system was established using rank ranges for each type of variable in order to identify individuals with outstanding phenotypic traits. For qualitative variables, individuals that scored greater than or equal to three on the evaluation scale ([Table 2](#)) were selected. For quantitative variables, individuals with the highest values were prioritized ([Table 3](#)). Any tree that exhibited at least one unfavorable characteristic (scores ≤ 1) was excluded from the selection process, as it did not meet the minimum criteria for consideration as superior genetic material.

Table 3: Scoring ranges for quantitative variables used in the selection of *Neltuma pallida* plus tree candidates.

Variable	Score Ranges
Diameter at breast height (DBH) (cm)	1 = 10–35 cm
	2 = 36–60 cm
	3 = 61–85 cm
	4 = >86 cm
Total height (m)	1 = 4.0–9.0 m
	2 = 9.1–14.0 m
	3 = 14.1–19.0 m
	4 = 19.1–24.0 m
	5 = 24.1–29.0 m
Branch height (m)	1 = 0–2.0 m
	2 = 2.1–4.0 m
	3 = 4.1–6.0 m

Crown diameter (m)	4 = 6.1–8.0 m
	5 = >8.1 m
	1 = 0–5.0 m
	2 = 6.0–10.0 m
	3 = 11.0–15.0 m
	4 = 16.0–20.0 m
	5 = >21 m

Heritability

Broad-sense heritability (H^2) and the variance components of phenotypic variation were estimated for *Neltuma pallida* populations. A linear mixed model was implemented to estimate variance components following the approach proposed by Cullis [34], which is appropriate for hierarchical structures and unbalanced data [35]. The model included province and locality as fixed effects, while random effects accounted for the general intercept, province, and nested localities. Heritability was calculated using the following fixed- and random-effects models:

Fixed model: $y_{ijk} = \mu + \text{locality}_j + \text{province}_k$

Random model: $y_{ijk} = \mu + (1|\text{province}_k) + (1|\text{locality}_j) + \varepsilon_{ijk}$

where y_{ijk} represents the observation of trait i in locality j and province k , and ε_{ijk} is the residual error term. The number of replicates was set at eight, corresponding to the maximum number of evaluated localities.

In addition to H^2 , the variance components were calculated for genetic variance (V_g), environmental or error variance (V_e) and total phenotypic variance (V_p). Based on these values, a relative variance ratio index, hereafter referred to as 'Ratio', was constructed and expressed as:

$$\text{Ratio} = V_g : V_p : V_e \quad (\text{normalized with respect to } V_g)$$

Data processing and statistical analysis

All statistical analyses and graphical outputs were conducted in R software, version 4.5.0 [36]. The coding workflow, data analysis, and computational environment were implemented in Quarto [37], an integrated system for scientific writing and data analysis (Supplementary Material 1).

For multivariate analyses, data were standardized (mean = 0; variance = 1) to homogenize variable scales and reduce bias from differing units of measurement [38]. Principal component analysis (PCA) was employed to explore multivariate relationships among edaphoclimatic variables and localities, as well as among phenotypic variables, localities, and individuals. PCA was performed using the packages *FactoMineR* [39] and *factoextra* [40].

Phenotypic diversity of qualitative variables was quantified using the Shannon–Weaver diversity index (H'), implemented with the *vegan* package [41]. Quantitative variables were analyzed using one-way analysis of variance (ANOVA), and group mean comparisons were conducted with Tukey's HSD test at a significance level of $\alpha = 0.05$, implemented through the *emmeans* package [42]. To identify patterns in the multivariate data and visualize similarity structures among localities, hierarchical heatmaps were generated using the *heatmaply* package [43]. Prior to visualization, data were column-normalized, and hierarchical dendrograms were constructed using Euclidean distance matrices.

Genetic parameters and broad-sense heritability (H^2) were calculated using the *H2cal()* function implemented in the *inti* package [44], which integrates fixed and random effects through the *lme4* package [45]. Outlier removal was performed (*outliers.rm* = TRUE), and diagnostic plots were generated (*plot_diag* = TRUE). For plus tree selection, Best Linear Unbiased Estimators (BLUEs) were computed.

RESULTS

Edaphoclimatic characterization

Principal component analysis (PCA) revealed that the first two components jointly explained 59.40% of the total system variability, with 39.90% attributed to the first component (Dim 1) and 19.50% to the second component (Dim 2). In Dim 1, the variables with the highest contributions were pH (12.40%), CaCO_3 (11.22%), and P (11.12%). In Dim 2, the main contributors were Tmax (23.67%), precipitation (pp, 21.54%), and relative humidity (RH, 20.37%).

On the factorial plane, the soil variables N, P, K, and OM showed a positive association and were projected onto the positive quadrant of Dim 1. In contrast, pH and CaCO_3 were oriented in the

opposite direction, indicating a negative relationship with the nutrient-related variables. Among the climatic variables, T_{min}, pp, and RH shared a common orientation, whereas incoming solar radiation (CS) was positioned in the opposite region. Physiographic variables did not display a clear pattern of association.

The spatial distribution of localities reflected distinct environmental gradients. Monte Azul and Chanchape clustered in the region associated with higher contents of N, P, K, and OM. Conversely, Rica Playa, Pedregal, and Marginal forest were located near the vectors of pH and CaCO₃, suggesting soils with greater alkalinity and carbonate content. Along the climatic gradient, Rica Playa, Pedregal, and Marginal forest were associated with higher values of precipitation (pp), T_{max}, T_{min}, and T_{mean}. Relative humidity (RH) was lowest in Rica Playa, Pedregal, and Marginal forest, while Monte Azul and Chanchape displayed intermediate values. Incoming solar radiation (CS) was higher in Monte Azul and Chanchape but lower in Rica Playa, Pedregal, and Marginal forest.

Regarding physiographic characteristics, Pedregal, KM 190, and Fundo Valdez were located closer to water bodies (DW), whereas Kurt Beer, Chanchape, and SENASA were situated at greater distances. The highest elevations (SLI) were recorded at CC Ignacio Távara, KM 190, and Monte Azul, in contrast to Pedregal and INIA, which were positioned at lower elevations.

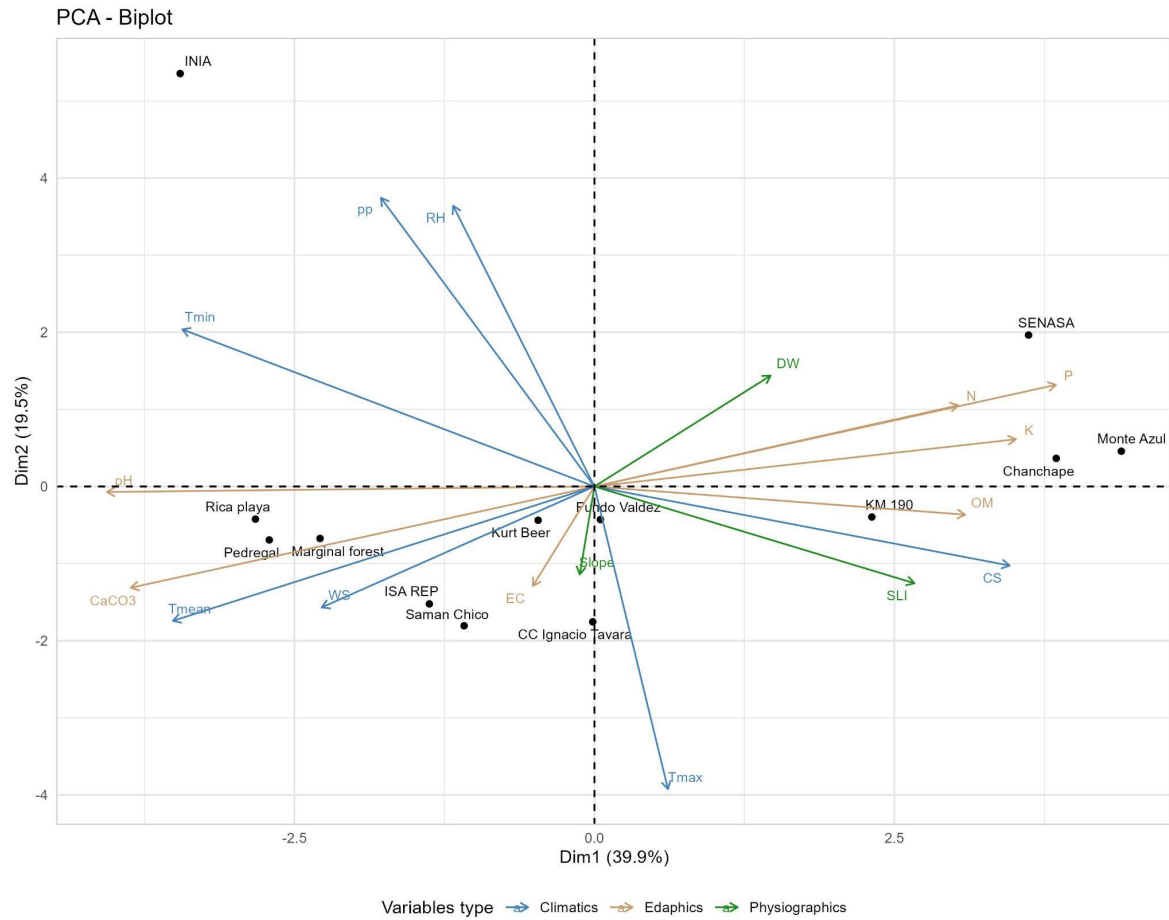


Figure 2: Principal component analysis (PCA) of edaphoclimatic properties in *Neltuma pallida* populations evaluated in the departments of Piura and Tumbes. Projection of edaphoclimatic variables and study localities onto the first two principal components, which together explain the largest proportion of total system variance (n = 631).

Morphological diversity

The phenotypic states, relative frequencies, and Shannon–Weaver diversity index (H') values for the qualitative traits evaluated are presented in [Table 4](#). Considerable polymorphism was observed across qualitative traits, revealing notable phenotypic variability within *Neltuma pallida* populations. H' values ranged from 0.55 to 1.30, with an overall mean of 1.01, indicating a high level of phenotypic diversity among the evaluated traits. This index reflects both the richness and evenness of phenotypic classes within each character.

The traits with the greatest diversity were fruit production ($H' = 1.30$), tree form ($H' = 1.09$), stem quality ($H' = 1.09$), foliage quality ($H' = 1.07$), and fruit quality ($H' = 1.00$). All of these exceeded 1.0, suggesting a relatively even distribution across their phenotypic categories. In contrast, branching exhibited moderate phenotypic diversity, with a value of $H' = 0.55$.

In terms of frequency distributions, tree form was dominated by individuals with intermediate morphology (37.88%), defined as trees with traits between a single stem with narrow branch angles ($\leq 30^\circ$) and multistemmed forms with wider branching angles ($> 30^\circ$). For stem quality, the “moderate” class predominated (39.30%), representing trees with defects affecting 10–40% of the bole. Regarding fruit production, more than half of the trees evaluated (52.61%) did not produce fruits, while in fruit quality the “bitter” category was most frequent (53.41%). In foliage quality, the largest proportion of individuals (42.00%) exhibited foliage covering up to two-thirds of branches. Finally, branching showed a clear trend toward absence, with 83.04% of individuals lacking bifurcation.

Table 4: Phenotypic diversity of qualitative traits in *Neltuma pallida* populations from Piura and Tumbes. Observed states of qualitative descriptors and Shannon–Weaver diversity index (H') values are presented for each trait. Diversity levels were categorized as low ($H' = 0.10$ – 0.40), intermediate ($H' = 0.40$ – 0.60), and high ($H' > 0.60$). The analysis was based on 631 observations ($n = 631$).

SN	Qualitative traits	Shannon-Weaver index	Descriptor's states	Frequency	Proportion (%)
1	Tree form	1.09	1 = Multi-stemmed (<1.2 m) with branches >30°	195	30.9
			2 = Intermediate	239	37.88
			3 = Single stem (<1.2 m) with branches ≤30°	197	31.22
2	Trunk quality	1.09	1 = Defective	195	30.9
			2 = Fair with defects	248	39.3
			3 = No defects or only minor defects	188	29.79
3	Forking	0.55	1 = Below DBH	25	3.96
			2 = At DBH	82	13
			3 = No forking	524	83.04
4	Fruit production	1.3	0 = No fruits	332	52.61
			1 = Up to 25 % of the branches	93	14.74
			2 = Up to 50 %	117	18.54
			3 = Up to 75 %	52	8.24
			4 = Up to 100 %	37	5.86
5	Fruit quality	1	0 = Very bitter	337	53.41
			1 = Bitter	14	2.22
			2 = Sweet	223	35.34
			3 = Very sweet	57	9.03
6	Foliage quality	1.07	1 = Foliage on up to 1/3 of the branches	139	22.03

			2 = Up to 2/3 of the branches	265	42
			3 = Full foliage on all branches	227	35.97

Phenotypic diversity in quantitative traits

To evaluate phenotypic diversity in quantitative traits, variability was analyzed across localities. The results revealed pronounced heterogeneity in the performance of the dendrometric traits assessed, highlighting significant structural differences among *Neltuma pallida* populations ([Figure 3](#)).

Analysis of diameter at breast height (DBH) showed significant differences among localities ($p < 0.001$). Fundo Valdez (50.07 cm), Monte Azul (46.62 cm), and KM 190 (45.77 cm) exhibited the highest mean values, indicating individuals with greater stem diameter development. In contrast, ISA REP (15.59 cm) and Rica Playa (16.06 cm) displayed the lowest values, reflecting populations with reduced bole thickness ([Figure 3a](#)).

For total tree height, statistically significant differences were also detected among localities ($p < 0.001$). The tallest individuals were recorded at Monte Azul (14.44 m), Fundo Valdez (12.33 m), and Saman Chico (11.40 m), while ISA REP (4.67 m) and Rica Playa (7.95 m) presented the shortest trees ([Figure 3b](#)).

Crown diameter likewise exhibited significant variability across localities ($p < 0.001$). Monte Azul (14.42 m), Saman Chico (14.25 m), and CC Ignacio Távara (14.02 m) had the largest average crown diameters, reflecting individuals with broader architectures and potentially greater dominance. Conversely, ISA REP (6.04 m) and SENASA (6.68 m) displayed the smallest crowns ([Figure 3c](#)).

Finally, for height to the first branching, significant differences were observed among localities ($p < 0.001$). Fundo Valdez (4.08 m), SENASA (3.21 m), and Monte Azul (3.20 m) recorded the greatest branching heights, suggesting trees with cleaner boles. In contrast, ISA REP (1.32 m) and Chanchape (1.71 m) exhibited the lowest values ([Figure 3d](#)).

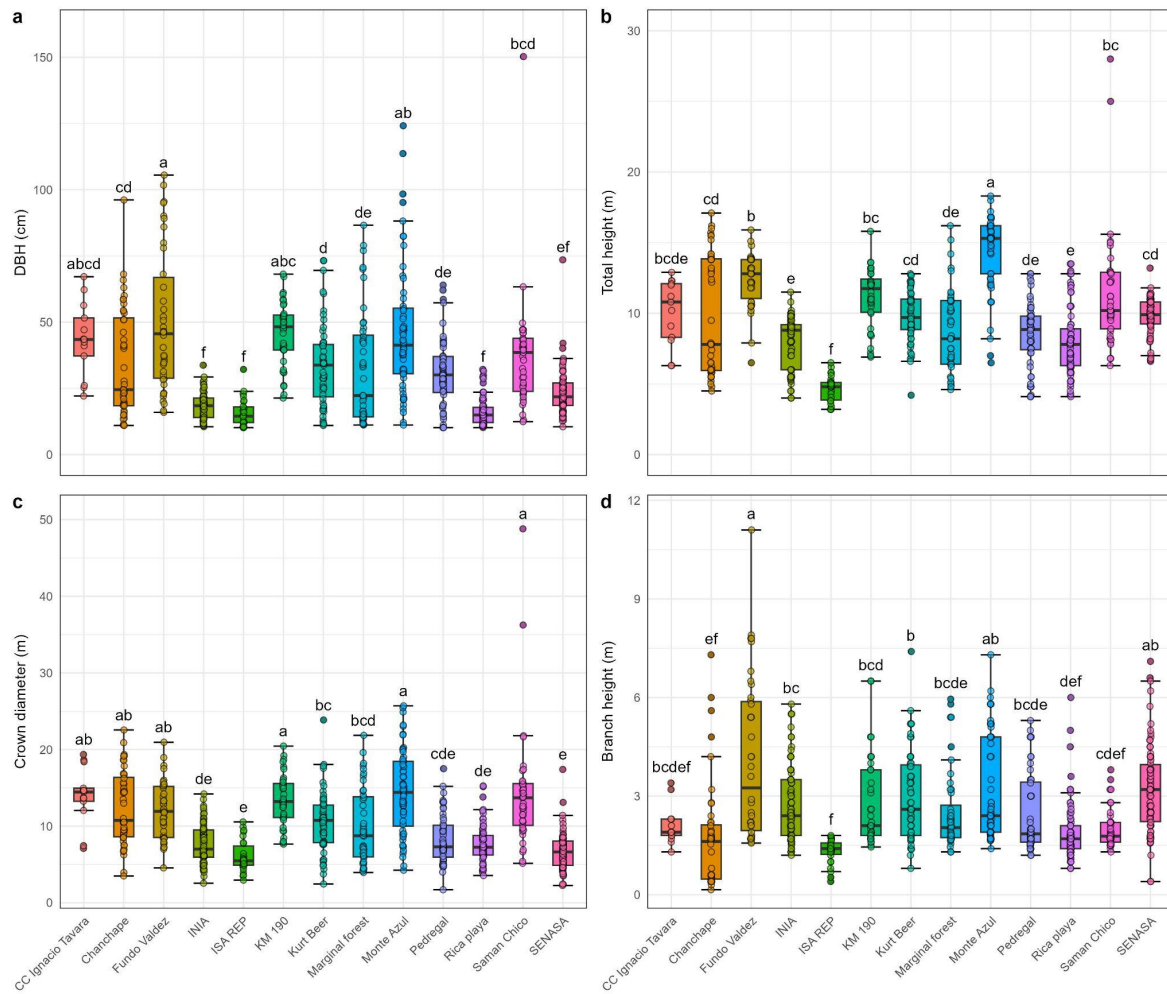


Figure 3: Distribution of quantitative morphological traits in *Neltuma pallida* populations evaluated across 13 localities in the departments of Piura and Tumbes. (a) Diameter at breast height (DBH). (b) Total height. (c) Crown diameter. (d) Height to the first branching. Distributions are based on the evaluation of 631 individuals, allowing the characterization of phenotypic variability among localities and providing inputs for germplasm conservation and selection. Different letters indicate statistically significant differences according to Tukey's multiple comparison test ($p < 0.05$).

Hierarchical cluster analysis, based on the combination of qualitative and quantitative traits previously evaluated, grouped the 13 study localities into four distinct clusters. This classification reflects patterns of phenotypic variation in *Neltuma pallida* populations, highlighting relationships between structural and functional traits of individuals and their geographic origin (Figure 4).

Cluster I included the localities Saman Chico and Monte Azul, distinguished by individuals with the highest average values of DBH (37.33 cm and 46.62 cm, respectively), total height (11.40 m and

14.44 m), and crown diameter (14.25 m and 14.42 m). These trees also exhibited high fruit production, with very sweet fruits, and dense foliage providing full branch coverage.

Cluster II comprised the localities Kurt Beer, Chanchape, and Fundo Valdez. This group displayed intermediate DBH values (33.63 cm, 34.20 cm, and 50.07 cm, respectively), total heights ranging from 9.77 m to 12.33 m, and crown diameters between 10.50 m and 12.40 m. Qualitatively, trees in this group bore fruits distributed across up to 75% of branches, accompanied by dense foliage covering two-thirds to the entirety of branches.

Cluster III was formed by the localities Marginal Forest, Pedregal, CC Ignacio Távara, and KM 190. This group was characterized by individuals with relatively high DBH values, ranging from 30.81 cm (Pedregal) to 45.77 cm (KM 190). Total heights remained intermediate (8.49–11.13 m), while crown diameters varied between 8.30 m and 14.02 m. Qualitatively, trees presented fruits distributed across 25–50% of branches, with flavors ranging from sour to sweet, and partial foliage coverage limited to two-thirds of branches.

Cluster IV included the localities INIA, Rica Playa, ISA REP, and SENASA, which grouped individuals with the lowest average values for all evaluated traits. DBH ranged from 15.59 cm (ISA REP) to 23.59 cm (SENASA), total height varied between 4.67 m and 9.80 m, and crown diameter between 6.04 m and 7.66 m. These localities were also characterized by low fruit production, frequent stem defects, sparse or low-quality foliage, and a predominance of bitter-tasting fruits.

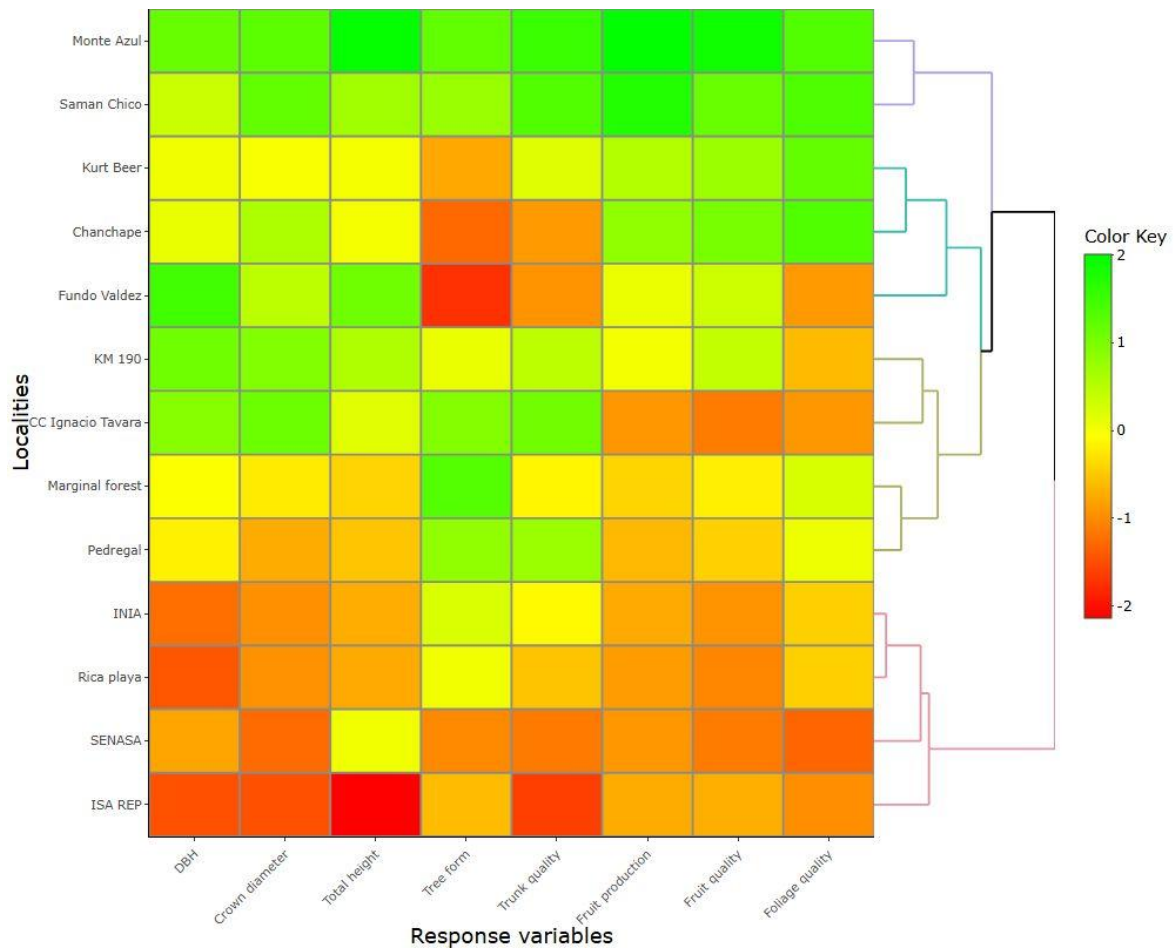


Figure 4: Cluster analysis of 13 *Neltuma pallida* localities evaluated in the departments of Piura and Tumbes. Clustering was performed using Euclidean distance as the dissimilarity measure and the Weighted Pair Group Method using Centroids (WPGMC). The optimal number of clusters was determined using the average silhouette coefficient, allowing the identification of locality groups with similar morphological and phenotypic characteristics.

Heritability and plus tree selection

Understanding the genetic improvement potential of *Neltuma pallida* in the regions of Piura and Tumbes requires quantifying the proportion of phenotypic variation attributable to genetic versus environmental effects. In this study, phenotypic characterization of 631 individuals belonging to two populations - one in Tumbes and one in Piura - enabled the estimation of genetic variance (V_g), error variance (V_e), total phenotypic variance (V_p), and broad-sense heritability (H^2) for seven morphological and functional traits across five localities in Tumbes and eight in Piura. The values of H^2 varied considerably among traits and populations, allowing the identification of those with greater genetic control and, therefore, higher potential for selection and breeding programs.

In the Tumbes population, the trait with the highest heritability was fruit production (fruit_production) with $H^2 = 0.92$, indicating a stable, genetically controlled phenotypic characteristic. This was followed by tree form (tree_form, $H^2 = 0.71$) and diameter at breast height (dbh, $H^2 = 0.78$), both showing favorable variance component ratios for genetic expression ($V_g:V_p:V_e = 1:1.4:3.2$ and $1:1.3:2.3$, respectively). Total tree height (total_height) also displayed moderate heritability ($H^2 = 0.78$), with genetic variance exceeding error variance. In contrast, branch height (branch_height) exhibited the lowest H^2 (0.28) in this population.

In the Piura population, a similar pattern was observed, though with generally higher heritability values. Fruit production again exhibited high heritability ($H^2 = 0.95$). Likewise, total height ($H^2 = 0.78$), stem diameter (dbh, $H^2 = 0.67$), and tree form ($H^2 = 0.68$) showed consistently strong genetic expression in key structural traits. Additionally, crown diameter ($H^2 = 0.75$), trunk quality (trunk_quality, $H^2 = 0.72$), and branch height ($H^2 = 0.73$) also presented high values, suggesting favorable prospects for their use in selection programs.

Table 5: Morphological and phenotypic characterization of *Neltuma pallida* populations across 13 localities in the departments of Piura and Tumbes, Peru. Variance components and broad-sense heritability (H^2) were estimated following the approach of Cullis et al., (2006). Variance components include: genetic variance (V_g), phenotypic variance (V_p), and error variance (V_e). The “Ratio” represents the variance ratio relative to V_g for each component ($V_g/V_g : V_p/V_g : V_e/V_g$), serving as an indicator of the relative contribution of genetic versus environmental effects. The analysis was based on 631 individuals.

Population	Trait	Localities	mean	std	min	max	V_g	V_e	V_p	Heritability	Ratio
Tumbes	DBH	5	20.82	5.83	15.6	28.34	28.64	65.91	36.88	0.78	1:1.3:2.3
	Crown diameter	5	7.84	1.28	6.05	9.59	1.27	9.38	2.45	0.52	1:1.9:7.4
	Branch height	5	2.13	0.56	1.32	2.7	0.28	0.87	0.38	0.72	1:1.4:3.2
	Total height	5	7.59	1.66	4.68	8.79	2.53	4.93	3.14	0.8	1:1.2:1.9
	Tree form	5	2.16	0.3	1.77	2.55	0.08	0.26	0.11	0.71	1:1.4:3.2
	Trunk quality	5	1.9	0.34	1.38	2.33	0.1	0.44	0.16	0.65	1:1.5:4.4
	Fruit production	5	1.18	0.26	1	1.57	0.06	0.05	0.07	0.92	1:1.1:0.7
Piura	DBH	8	38.48	8.75	23.6	50.07	67.44	269.9	101.18	0.67	1:1.5:4
	Crown diameter	8	12.05	2.49	6.69	14.43	6	16.29	8.03	0.75	1:1.3:2.7
	Branch height	8	2.72	0.77	1.59	3.89	0.53	2.07	0.79	0.67	1:1.5:3.9
	Total height	8	11.01	1.64	9.77	14.44	2.62	5.81	3.34	0.78	1:1.3:2.2
	Tree form	8	1.92	0.45	1.32	2.5	0.18	0.68	0.27	0.68	1:1.5:3.7
	Trunk quality	8	2.11	0.43	1.58	2.64	0.17	0.53	0.24	0.72	1:1.4:3
	Fruit production	8	2.56	1.31	1	4.58	1.7	0.06	1.71	1	1:1:0

A multivariate analysis was conducted, excluding variables with low contributions to explained variance. After preliminary evaluation, branching and branch height were removed due to their minimal influence on the multivariate structure of the dataset.

Principal component analysis (PCA) was then applied to explore phenotypic variability among individuals. The first two principal components explained 71.00% of the total system variance, with Dim 1 accounting for 54.30% and Dim 2 for 16.70%. In Dim 1, the variables contributing most to variance were crown diameter (15.75%), fruit production (15.02%), fruit quality (14.89%), and total height (14.29%). Dim 2 was mainly influenced by tree form (40.75%) and trunk quality (24.58%) ([Figure 5](#)).

The variable biplot showed clear groupings according to their contribution and orientation within the factorial space ([Figure 5a](#)). Three main associations were identified: (i) tree form and trunk quality aligned with Dim 2; (ii) DBH, total height, and crown diameter strongly correlated with Dim 1; and (iii) fruit production, fruit quality, and foliage quality, also associated with Dim 1 but positioned toward the positive quadrant of the axis ([Figure 5a](#)).

At the individual level, trees from Monte Azul, Samán Chico, and Fundo Valdez clustered in the region associated with higher values of DBH, total height, and crown diameter ([Figure 5b](#)). Monte Azul and Samán Chico were further distinguished by high fruit production, very sweet fruit quality, and excellent foliage quality, characterized by leaf coverage over the entirety of branches. In contrast, trees from Rica Playa, ISA REP, and SENASA occupied the opposite quadrant, associated with lower values of tree form and trunk quality ([Figure 5b](#)).

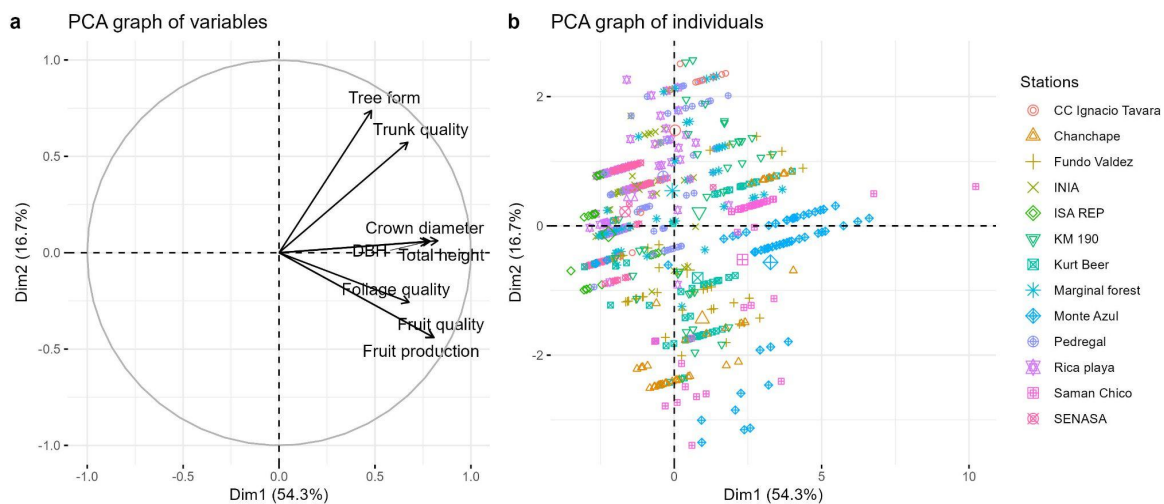


Figure 5: Principal component analysis (PCA) of morphological and phenotypic traits in *Neltuma pallida* populations from Piura and Tumbes. (a) Projection of morphological and phenotypic variables onto the first two principal components, which explain the largest proportion of system

variance. (b) Distribution of individuals grouped by locality in the multivariate space defined by the principal components, based on morphological and phenotypic characteristics. The analysis was conducted on 631 individuals ($n = 631$).

Eight trees from the Monte Azul locality in Piura were identified as plus trees. These individuals were distinguished by their high vigor, well-formed boles, strong fruiting capacity, and dense foliage cover. They met all favorable qualitative and quantitative selection criteria and displayed outstanding morpho-phenotypic expression compared with the rest of the population. Their superior attributes included abundant fruit production, vigorous biomass development, and close correspondence with favorable habitat conditions and conservation status.

Quantitatively, the plus trees exhibited the highest values for the evaluated traits. Mean DBH reached 59.52 cm. Branching height ranged from 4.20 m to 6.20 m, substantially exceeding the population mean, which rarely surpassed 3 m. Total height averaged 16.05 m, considered optimal for fully developed individuals. Crown diameter averaged 15.83 m, reflecting a globose architecture with abundant biomass.

Qualitatively, all plus trees exhibited single stems with no bifurcations. Tree form was classified as dominant single-stemmed, while trunk quality was rated as “good,” meaning free of or with only minimal defects. All plus trees produced abundant fruits, distributed across 50–100% of branches, with fruits consistently rated as sweet to very sweet. Foliage quality was also outstanding, with leaf cover extending over at least two-thirds to the entirety of branches.

DISCUSSION

Neltuma pallida, commonly known as algarrobo, is a key leguminous forest species of northern Peru's dry forests, adapted to warm climates and arid soils, and recognized for its high ecological, economic, and sociocultural value [14]. However, the species is currently threatened by pests, diseases, and the progressive degradation of its natural ecosystem [46]. In this study, we evaluated the morphological and phenotypic diversity of *N. pallida* across 13 localities with contrasting edaphoclimatic conditions. Our results revealed significant intra- and inter-population polymorphism, reflecting genetic variability among the studied populations. Estimation of heritability coefficients further enabled the identification of traits under stronger genetic control, thus with higher potential for selection. Consequently, a group of individuals with superior phenotypes was identified as ideal candidates for incorporation into a germplasm bank to support future breeding programs aimed at conservation and restoration of this species.

Edaphoclimatic conditions

The edaphoclimatic analysis revealed marked differences in soil, climatic, and physiographic variables among the study sites (Figure 2), consistent with evidence that such factors influence vegetation distribution and development [47,48]. Soil variables exerted the strongest influence on the morpho-phenotypic expression of *N. pallida*. Monte Azul and Chanchape showed higher concentrations of N, P, K, and organic matter (OM), associated with more vigorous individuals, larger structural dimensions, and superior phenotypes in fruit production and foliage quality. By contrast, Rica Playa e ISA REP exhibited higher CaCO_3 levels and alkaline pH, associated with unfavorable morpho-phenotypic traits. These patterns may be explained by phosphorus availability - often limiting in nutrient-poor soils [49] - as well as by organic matter, which improves both soil fertility and structure [50], and pH, which affects nutrient availability and microbial activity [51,52].

This evidence supports the hypothesis that the reduced vigor observed in ISA REP and Rica Playa may be linked to salinity stress resulting from high CaCO_3 content and elevated soil pH [53]. Similar responses were reported by Meglioli [54], in *Neltuma flexuosa* and *N. chilensis*, where reductions in height and aboveground biomass under saline stress were observed, although tolerant individuals were also detected, suggesting a role for genetic variability. Samán Chico provides further evidence of this pattern, as despite high CaCO_3 and electrical conductivity (EC), it contained well-developed individuals, suggesting potential genetic tolerance to salinity [55,56].

Climatic variables such as precipitation (pp), Tmin, and Tmean were slightly higher in Rica Playa, Pedregal, and Marginal forest, with lower relative humidity (RH), while Monte Azul and Chanchape presented intermediate values (Figure 2). Physiographic variables (e.g., distance to water bodies [DW], slope, and elevation [SLI]) showed no consistent influence on phenotypic traits. Although

Pedregal, KM 190, and Fundo Valdez were closer to water bodies, and CC Ignacio Távara, KM 190, and Monte Azul were at higher elevations, these differences did not correlate with phenotypic variation. This aligns with Sadia [57], who emphasized that edaphic factors such as pH, OM, P, and K availability are key determinants of plant distribution, but their effects must be understood in interaction with biotic and abiotic variables. Similarly, Barboza [58] identified climatic variables (mean temperature of the wettest quarter, maximum temperature of the warmest month, elevation, and annual precipitation) as critical for *N. pallida* suitability, but in our study the relative climatic homogeneity reduced their influence. These findings are consistent with Baselly-Villanueva and Rufasto-Peralta [59,60], who observed that at local scales, edaphic variables are often more determinant than climatic or physiographic ones. Overall, the interaction between soil, environment, and genetic background must be considered in conservation, restoration, and breeding strategies for *N. pallida*.

Morphological diversity in algarrobo populations

The morpho-phenotypic characterization revealed high polymorphism within and among populations in Piura and Tumbes ([Table 4](#)), suggesting considerable genetic diversity. The Shannon–Weaver diversity index (H') showed high values, reflecting broad variability among traits [61,62]. Fruit production displayed the greatest diversity, whereas branching presented moderate diversity. Among dendrometric traits, analysis of variance indicated significant heterogeneity ([Figure 3](#)), suggesting structural differences among populations. Similar findings were reported by Bessega [63] in *N. flexuosa*, where differences in height and basal diameter were partly genetically based but modulated by local environmental conditions. Likewise, Vega [64] argued that *N. alba* exhibits strong adaptive capacity to environmental heterogeneity, favoring local adaptation processes.

Our results are also consistent with Esparza-Orozco [65], who identified significant phenotypic differences among *Neltuma* populations associated with geographic origin. These findings suggest that phenology and morphology in this genus are strongly influenced by ecological factors. Vidaković [66] further emphasized that interactions between environment and geography can explain observed phenotypic variation, reflecting potential processes of isolation by environment and by distance. In our study, Monte Azul, Chanchape, and Samán Chico (Piura) were distinguished by superior morphological and phenotypic performance, while Rica Playa, ISA REP, and SENASA (Tumbes) were associated with lower performance. This pattern supports the hypothesis of simultaneous environmental and geographic isolation shaping genetic and phenotypic structuring in *N. pallida* populations. According to Wang [67], high phenotypic variation often reflects high genetic diversity; thus, phenotypic evaluation represents a direct and effective approach for estimating diversity in forest germplasm resources.

Genetic influence and identification of plus trees

The genetic influence observed in *N. pallida* aligns with patterns reported in other forest species from contrasting environments, where high heritability coefficients predict genetic gains in selection programs. In this study, fruit production exhibited high heritability ($H^2 \approx 0.92\text{--}1.00$), confirming strong genetic control and limited environmental influence, ensuring high response to selection. Moderate-to-high heritability values for structural traits such as DBH, total height, and crown diameter also suggest that vegetative growth traits are suitable targets for breeding programs. These findings are consistent with recent studies in *Pinus pinaster* and *Juglans mandshurica*, where size-related traits displayed higher heritability than form-related traits, highlighting their value in early breeding cycles [68,69]. Prioritizing traits with high heritability and temporal stability, such as bole straightness or branch insertion angle, optimizes selection accuracy while minimizing environmental and genotype $\times$ environment (G $\times$ E) effects, which is crucial in heterogeneous ecosystems such as dry forests.

In this study, plus tree identification was based on individual assessment, allowing the selection of outstanding trees in terms of fruit production, vegetative vigor, and crown architecture across 13 localities in Piura and Tumbes. Approximately 90% of individuals with superior traits were concentrated in these regions, consistent with Castro [18]. While phenotypic selection was used here, comparisons with neighboring trees can further reduce microsite and age-related biases, increasing accuracy of genetic estimates [70]. Multivariate analyses confirmed that individuals from Monte Azul, Chanchape, and Samán Chico clustered in dimensions associated with higher productivity and biomass. Consolidating these candidates requires validation through progeny tests and clonal banks, as well as the integration of modern tools such as high-throughput phenotyping and genomic selection, which have proven effective in accelerating breeding cycles and mitigating G $\times$ E effects in forest programs [18,71]. The eight selected individuals provide a robust foundation for establishing seed orchards and germplasm banks, contributing to the productive and sustainable restoration of Peruvian dry forests.

Limitations and perspectives

Despite progress in identifying superior *N. pallida* individuals, questions remain regarding whether the highlighted traits reflect true genetic potential or are mainly influenced by local edaphoclimatic conditions. Soil fertility heterogeneity, salinity levels, and nutrient availability likely conditioned phenotypic expression, raising the risk of overestimating individuals favored by environmental plasticity rather than genetic superiority. Future studies should complement morpho-phenotypic selection with molecular marker analyses and progeny testing to more precisely disentangle environmental effects. Integrating these approaches will strengthen breeding programs and ensure that

selected individuals not only express desirable traits under specific site conditions but also maintain adaptive advantages - such as abiotic stress tolerance and growth potential - across diverse ecological scenarios.

CONCLUSIONS

The morpho-phenotypic characterization of *Neltuma pallida* in the regions of Piura and Tumbes revealed substantial intra- and inter-population variability, reflected in the high degree of polymorphism observed. Edaphoclimatic differences among localities influenced the expression of evaluated traits, while heritability estimates enabled the identification of characters with greater potential response to selection. These findings led to the identification of eight superior individuals classified as plus trees, providing a foundation for the establishment of germplasm banks and the development of genetic improvement programs aimed at the conservation and ecological restoration of this species within tropical dry forest ecosystems.

PATENTS

Author Contributions

Conceptualization, W.N.; methodology, S.C.-N., J.R.B.-V., E.J.S.H., S.Y.C.V., and W.N.; formal analysis, S.C.-N. and F.L.-I.; investigation, W.N. and N.T.T.; data curation, S.C.-N. and F.L.-I.; writing—original draft preparation, S.C.-N., J.R.B.-V., E.J.S.H., S.Y.C.V., N.T.T., and F.L.-I.; writing—review and editing, F.L.-I.; visualization, S.C.-N. and F.L.-I.; software, S.C.-N. and F.L.-I.; resources, M.R.R.; project administration, M.R.R.; funding acquisition, M.R.R. All authors have read and agreed to the published version of the manuscript.

Funding

This work was funded by the National Institute of Agricultural Innovation (INIA), Peru, through investment project No. 2472190 “El Chira.”

Data Availability Statement

The original contributions presented in this study are included in the article and its supplementary material. Reproducible datasets and data analysis scripts are provided in Supplementary File 1 and are publicly accessible via the GitHub repository at: https://github.com/Sebass96/INIA_algarrobo.git

Acknowledgments

The authors would like to thank the Directorate of Studies and Research of the National Forest and Wildlife Service (SERFOR), Peru, for their valuable support during field data collection.

Conflict of Interest

The authors declare no conflict of interest.

REFERENCES

1. Hughes, C.E.; Ringelberg, J.J.; Lewis, G.P.; Catalano, S.A. Disintegration of the Genus *Prosopis* L. (Leguminosae, Caesalpinioideae, Mimosoid Clade). *PhytoKeys* **2022**, *205*, 147–189, doi:10.3897/phytokeys.205.75379.
2. Bessega, C.; Saidman, B.O.; Darquier, M.R.; Ewens, M.; Sánchez, L.; Rozenberg, P.; Vilardi, J.C. Consistency between Marker- and Genealogy-Based Heritability Estimates in an Experimental Stand of *Prosopis Alba* (Leguminosae). *American Journal of Botany* **2009**, *96*, 458–465, doi:10.3732/ajb.0800074.
3. Grados, N.; Cruz, G.; Albán, L.; Felker, P. Peruvian *Prosopis Pallida*: Its Potential to Provide Human and Livestock Food for Tropical Arid Lands of the World. In *Prosopis as a Heat Tolerant Nitrogen Fixing Desert Food Legume*; Puppo, M.C., Felker, P., Eds.; Academic Press, 2022; pp. 241–251 ISBN 978-0-12-823320-7.
4. Beresford-Jones, D.G.; T, S.A.; Whaley, O.Q.; Chepstow-Lusty, A.J. The Role of *Prosopis* in Ecological and Landscape Change in the Samaca Basin, Lower Ica Valley, South Coast Peru from the Early Horizon to the Late Intermediate Period. *Latin American Antiquity* **2009**, *20*, 303–332, doi:10.1017/S1045663500002650.
5. Beresford-Jones, D.G.; Whaley, O.Q. *Prosopis* in the History of the Coast of Peru. In *Prosopis as a Heat Tolerant Nitrogen Fixing Desert Food Legume*; Puppo, M.C., Felker, P., Eds.; Academic Press, 2022; pp. 95–103 ISBN 978-0-12-823320-7.
6. Duval, V.S.; Cámara-Artigas, R. Diversidad y captura de carbono en un bosque secundario de caldén (*Prosopis caldenia*) en La Pampa, Argentina. *Estudios Geográficos* **2021**, *82*, e073–e073, doi:10.3989/estgeogr.202184.084.
7. van Zonneveld, M.; Thomas, E.; Castañeda-Álvarez, N.P.; Van Damme, V.; Alcazar, C.; Loo, J.; Scheldeman, X. Tree Genetic Resources at Risk in South America: A Spatial Threat Assessment to Prioritize Populations for Conservation. *Diversity and Distributions* **2018**, *24*, 718–729, doi:10.1111/ddi.12724.
8. Montano Fuentes, M.E.; Durán Enríquez, C.A.; Duarte, C. Destrucción del Bosque Seco Tropical en el Valle Geográfico del Río Cauca. *Historia Ambiental Latinoamericana y Caribeña (HALAC) revista de la Solcha* **2022**, *12*, 287–324, doi:10.32991/2237-2717.2022v12i3.p287-324.
9. Vera, E.; Cruz, C.; Barboza, E.; Salazar, W.; Canta, J.; Salazar, E.; Vásquez, H.V.; Arbizu, C.I. Change of Vegetation Cover and Land Use of the Pómac Forest Historical Sanctuary in Northern Peru. *Int. J. Environ. Sci. Technol.* **2024**, *21*, 8919–8930, doi:10.1007/s13762-024-05597-6.
10. Juárez, G.; González, U. Coleópteros (Insecta: Coleoptera) Del Campus de La Universidad de Piura-Perú. *The biologist* **2016**, *14*, 183–198.
11. Juárez-Noé, G.; González-Coronado, U. Lista taxonómica actualizada de los insectos asociados a *Prosopis pallida* (Humb. & Bonpl. ex. Wild.) Kunth (Fabaceae) de la región Piura, Perú. *Graellsia* **2020**, *76*, e110–e110, doi:10.3989/graellsia.2020.v76.263.
12. SERFOR; SENASA; INIA Guía para la identificación de insectos asociados al algarrobo *Prosopis pallida* (Humb. & Bonpl. Ex Willd.) Kunth. Volumen II. Piura. *Servicio Nacional Forestal y de Fauna Silvestre* **2022**.
13. Gagné, R.J.; Whaley, O.Q. The Larva of *Enallodiplosis Discordis* (Diptera: Cecidomyiidae: Cecidomyiidae), a Pest of *Prosopis* Spp. (Fabaceae) in Peru and Chile. *went* **2020**, *122*, 243–247, doi:10.4289/0013-8797.122.1.243.
14. La Torre, R.; Hamilton, J.P.; Saucedo-Bazalar, M.; Caycho, E.; Vaillancourt, B.; Wood, J.C.; Ramírez, M.; Buell, C.R.; Orjeda, G. A Chromosome-Level Genome Assembly of the Peruvian Algarrobo (*Neltuma Pallida*) Provides Insights on Its Adaptation to Its Unique Ecological Niche. *G3 Genes|Genomes|Genetics* **2025**, *15*, jkae283, doi:10.1093/g3journal/jkae283.
15. Rosales-Islas, E.; Barrera-Tello, D.; Sánchez-González, A.; Galván-Hernández, D.M.; Hernández-León, S.; Octavio-Aguilar, P. Caracterización morfológica y genética de las poblaciones de *Abies* en Hidalgo, México: importancia de la identidad taxonómica para el aprovechamiento forestal. *Botanical Sciences* **2023**, *101*, 417–434, doi:10.17129/botsoci.3203.
16. Bessega, C.; Pometti, C.; Ewens, M.; Saidman, B.O.; Vilardi, J.C. Evidences of Local

- Adaptation in Quantitative Traits in *Prosopis Alba* (Leguminosae). *Genetica* **2015**, *143*, 31–44, doi:10.1007/s10709-014-9810-5.
17. Castañeda-Garzón, S.L.; Argüelles-Cárdenas, J.H.; Zuluaga-Peláez, J.J.; Moreno-Barragán, J. Evaluación de la variabilidad fenotípica en *Simarouba amara* Aubl., mediante descriptores cualitativos y cuantitativos. *Orinoquia* **2021**, *25*, 67–77, doi:10.22579/20112629.656.
 18. Castro, W.; Seminario, R.; Nauray, W.; Acevedo-Juárez, B.; De-la-Torre, M.; Avila-George, H. Multispectral Drone Imagery Dataset for plus and Non-plus *Neltuma Pallida* Trees in Northern Peru. *Data in Brief* **2025**, *60*, 111645, doi:10.1016/j.dib.2025.111645.
 19. Ipinza, R.; Gutiérrez, B.; Emhart, V. *Mejora genética forestal operativa*; Universidad Austral de Chile: Valdivia, 1998; ISBN 978-956-288-072-5.
 20. Tomback, D.F.; Keane, R.E.; Schoettle, A.W.; Snieszko, R.A.; Jenkins, M.B.; Nelson, C.R.; Bower, A.D.; DeMastus, C.R.; Guiberson, E.; Krakowski, J.; et al. Tamm Review: Current and Recommended Management Practices for the Restoration of Whitebark Pine (*Pinus Albicaulis* Engelm.), an Imperiled High-Elevation Western North American Forest Tree. *Forest Ecology and Management* **2022**, *522*, 119929, doi:10.1016/j.foreco.2021.119929.
 21. Zobel, B.; Talbert, J. *Applied Forest Tree Improvement*; Caldwell, N.J.: Blackburn Press, 1984; ISBN 978-1-930665-81-1.
 22. Castañeda-Garzón, S.L.; Arenas-Rubio, I.; Argüelles-Cárdenas, J.H.; Montero-Cantillo, Y.D.; Gutiérrez-Berdugo, I.A.; Zuluaga-Peláez, J.J. Caracterización de una plantación juvenil de *Cavanillesia platanifolia* en la Zona Bananera Colombiana. *Madera y Bosques* **2023**, *29*, e2922495–e2922495, doi:10.21829/myb.2023.2922495.
 23. Paredes Ulloa, C.O.; Viafara, D.; Dueñas, Y.D.; Villalta Mazabanda, B.A.V.; Machado Cuzco, J.A.; Reyes Mera, J.J. Caracterización e Identificación de Especies Forestales Nativas como Fuentes de Semilla en la Amazonía Ecuatoriana. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar* **2025**, *9*, 3242–3258, doi:10.37811/cl_rcm.v9i2.17136.
 24. Ramírez-Galicia, K.; Ramírez-Herrera, C.; Gómez-Martínez, P.; López-Upton, J.; Mohedano-Caballero, L.; Rodríguez-Trejo, D.A.; Ramírez-Galicia, K.; Ramírez-Herrera, C.; Gómez-Martínez, P.; López-Upton, J.; et al. Variación y Heredabilidad En Altura, Diámetro y Volumen de *Pinus Patula* En Un Huerto Semillero Asexual En Huayacocotla, Veracruz, México. *Bosque (Valdivia)* **2024**, *45*, 187–194, doi:10.4067/s0717-92002024000100187.
 25. Chequer Charan, D.; Pometti, C.; Cony, M.; Vilardi, J.C.; Saidman, B.O.; Bessega, C. Genetic Variance Distribution of SSR Markers and Economically Important Quantitative Traits in a Progeny Trial of *Prosopis Chilensis* (Leguminosae): Implications for the ‘Algarrobo’ Management Programme. *Forestry (Lond)* **2021**, *94*, 204–218, doi:10.1093/forestry/cpaa026.
 26. López Lauenstein, D.; Vega, C.; Verga, A.; Lascano, H.R.; Marchelli, P. Local Adaptive Strategies for Coping with Drought Stress in *Neltuma Alba* (Leguminosae, Caesalpinioideae) Are Associated with the Timing of Leaf Senescence. *New Forests* **2025**, *56*, 28, doi:10.1007/s11056-025-10096-8.
 27. Revilla-Chávez, J.M.; Moraes, M.A. de; Revilla-Macedo, J.J.; Vergaray-Rengifo, W.F.; Mego-Pérez, J.A.; Saldaña-Dominguez, H.S.; Vigo-Ampuero, E.S.; Gonzales-Alvarado, A.C.; Manturano-Pérez, R.D.; Casas-Reátegui, R.; et al. Correlaciones, parámetros genéticos y fenotípicos en rasgos cuantitativos y cualitativos de *Swietenia macrophylla* en Ucayali, Perú. *Scientia Agropecuaria* **2024**, *15*, 409–417, doi:10.17268/sci.agropecu.2024.030.
 28. Hernández-Máximo, E.; Vargas-Hernández, J.J.; López-Upton, J.; Sánchez-Monsalvo, V. Structure of Genetic Variation in Vegetative Phenology of *Cedrela Odorata* L.: Implications for Tree Breeding. *New Forests* **2022**, *53*, 387–409, doi:10.1007/s11056-021-09862-1.
 29. POWER, D.A.V. NASA POWER | Data Access Viewer (DAV) Available online: <https://power.larc.nasa.gov/data-access-viewer/> (accessed on 22 July 2025).
 30. Ministerio del Ambiente, M. *Guía de inventario de la flora y vegetación*; 2015;
 31. Roque, E.A.R.; Barrera Arroyo, V.M.; Ocaña Canales, J.C. Tamaño óptimo de parcela de inventarios forestales en bosques secos (Lambayeque, Perú). *Ciencia y Práctica* **2023**, *3*, doi:10.52109/cyp2023649.
 32. *Soil Sampling and Methods of Analysis*; Carter, M.R., Gregorich, E.G., Eds.; 2nd ed.; CRC Press: Boca Raton, 2007; ISBN 978-0-429-12622-2.
 33. Alban, L.; Matorel, M.; Romero, J.; Grados, N.; Cruz, G.; Felker, P. Cloning of Elite,

- Multipurpose Trees of the *Prosopis Juliflora/Pallida* Complex in Piura, Peru. *Agroforestry Systems* **2002**, 54, 173–182, doi:10.1023/A:1016093106338.
34. Cullis, B.R.; Smith, A.B.; Coombes, N.E. On the Design of Early Generation Variety Trials with Correlated Data. *JABES* **2006**, 11, 381–393, doi:10.1198/108571106X154443.
 35. Schmidt, P.; Hartung, J.; Rath, J.; Piepho, H.-P. Estimating Broad-Sense Heritability with Unbalanced Data from Agricultural Cultivar Trials. *Crop Science* **2019**, 59, 525–536, doi:10.2135/cropsci2018.06.0376.
 36. R Core Team R: A Language and Environment for Statistical Computing 2025.
 37. Allaire, J.J.; Dervieux, C.; Software, P.; PBC; Woodhull, G. Quarto: R Interface to “Quarto” Markdown Publishing System. **2025**, doi:10.32614/CRAN.package.quarto.
 38. Marcelo-Bazán, F.E.; Mantilla-Chávez, W.; Paredes-Pajares, K.P.; Chávez-Cercado, D.M.; Baselly-Villanueva, J.R.; Álvarez-Álvarez, P. Identification of the Optimal Substrate for Sexual Propagation of *Cinchona Officinalis* L.: Implications for Conservation and Sustainable Use. *For. Sci.* **2025**, 71, 397–422, doi:10.1007/s44391-025-00018-8.
 39. Husson, F.; Josse, J.; Le, S.; Mazet, J. FactoMineR: Multivariate Exploratory Data Analysis and Data Mining. **2024**, doi:10.32614/CRAN.package.FactoMineR.
 40. Kassambara, A.; Mundt, F. Factoextra: Extract and Visualize the Results of Multivariate Data Analyses. **2020**, doi:10.32614/CRAN.package.factoextra.
 41. Oksanen, J.; Simpson, G.L.; Blanchet, F.G.; Kindt, R.; Legendre, P.; Minchin, P.R.; O’Hara, R.B.; Solymos, P.; Stevens, M.H.H.; Szoecs, E.; et al. Vegan: Community Ecology Package. **2025**, doi:10.32614/CRAN.package.vegan.
 42. Lenth, R.V.; Bolker, B.; Buerkner, P.; Giné-Vázquez, I.; Herve, M.; Jung, M.; Love, J.; Miguez, F.; Piaskowski, J.; Riebl, H.; et al. Emmeans: Estimated Marginal Means, Aka Least-Squares Means. **2024**, doi:10.32614/CRAN.package.emmeans.
 43. Galili, T.; O’Callaghan, A.; Sidi, J.; Joo, J.; Benjamini, Y. Heatmaply: Interactive Cluster Heat Maps Using “plotly” and “Ggplot2.” **2023**, doi:10.32614/CRAN.package.heatmaply.
 44. Lozano-Isla, F. Inti: Tools and Statistical Procedures in Plant Science. **2025**, doi:10.32614/CRAN.package.inti.
 45. Bates, D.; Maechler, M.; Bolker, B.; Walker, S.; Christensen, R.H.B.; Singmann, H.; Dai, B.; Scheipl, F.; Grothendieck, G.; Green, P.; et al. Lme4: Linear Mixed-Effects Models Using “Eigen” and S4. **2025**, doi:10.32614/CRAN.package.lme4.
 46. Caycho, E.; La Torre, R.; Orjeda, G. Assembly, Annotation and Analysis of the Chloroplast Genome of the Algarrobo Tree *Neltuma Pallida* (Subfamily: Caesalpinioideae). *BMC Plant Biol* **2023**, 23, 570, doi:10.1186/s12870-023-04581-5.
 47. Villagra, P.E.; Boninsegna, J.A.; Alvarez, J.A.; Cony, M.; Cesca, E.; Villalba, R. Dendroecology of *Prosopis Flexuosa* Woodlands in the Monte Desert: Implications for Their Management. *Dendrochronologia* **2005**, 22, 209–213, doi:10.1016/j.dendro.2005.05.005.
 48. Yang, J.; Huang, Y.; Jiang, X.; Chen, H.; Liu, M.; Wang, R. Potential Geographical Distribution of the Edangered Plant *Isoetes* under Human Activities Using MaxEnt and GARP. *Global Ecology and Conservation* **2022**, 38, e02186, doi:10.1016/j.gecco.2022.e02186.
 49. Jiang, J.; Wang, Y.-P.; Yang, Y.; Yu, M.; Wang, C.; Yan, J. Interactive Effects of Nitrogen and Phosphorus Additions on Plant Growth Vary with Ecosystem Type. *Plant Soil* **2019**, 440, 523–537, doi:10.1007/s11104-019-04119-5.
 50. Hoffland, E.; Kuyper, T.W.; Comans, R.N.J.; Creamer, R.E. Eco-Functionality of Organic Matter in Soils. *Plant Soil* **2020**, 455, 1–22, doi:10.1007/s11104-020-04651-9.
 51. Neina, D. The Role of Soil pH in Plant Nutrition and Soil Remediation. *Applied and Environmental Soil Science* **2019**, 2019, 5794869, doi:10.1155/2019/5794869.
 52. Ni, Y.; Yang, T.; Ma, Y.; Zhang, K.; Soltis, P.S.; Soltis, D.E.; Gilbert, J.A.; Zhao, Y.; Fu, C.; Chu, H. Soil pH Determines Bacterial Distribution and Assembly Processes in Natural Mountain Forests of Eastern China. *Global Ecology and Biogeography* **2021**, 30, 2164–2177, doi:10.1111/geb.13373.
 53. Bello, S.K.; Alayafi, A.H.; AL-Solaimani, S.G.; Abo-Elyousr, K.A.M. Mitigating Soil Salinity Stress with Gypsum and Bio-Organic Amendments: A Review. *Agronomy* **2021**, 11, 1735, doi:10.3390/agronomy11091735.
 54. Meglioli, P.A.; Alvarez, J.A.; Lana, N.B.; Cony, M.A.; Villagra, P.E. Salt Tolerance of Native

- Trees Relevant to the Restoration of Degraded Landscapes in the Monte Region, Argentina. *Restoration Ecology* **2025**, *33*, e14246, doi:10.1111/rec.14246.
55. Amin, I.; Rasool, S.; Mir, M.A.; Wani, W.; Masoodi, K.Z.; Ahmad, P. Ion Homeostasis for Salinity Tolerance in Plants: A Molecular Approach. *Physiologia Plantarum* **2021**, *171*, 578–594, doi:10.1111/ppl.13185.
 56. Zhang, M.; Liu, Y.; Han, G.; Zhang, Y.; Wang, B.; Chen, M. Salt Tolerance Mechanisms in Trees: Research Progress. *Trees* **2021**, *35*, 717–730, doi:10.1007/s00468-020-02060-0.
 57. Sadia, S.; Waheed, M.; Firdous, S.; Arshad, F.; Fonge, B.A.; Al-Andal, A. Ecological Analysis of Plant Community Structure and Soil Effects in Subtropical Forest Ecosystem. *BMC Plant Biol* **2024**, *24*, 1275, doi:10.1186/s12870-024-06012-5.
 58. Barboza, E.; Bravo, N.; Cotrina-Sanchez, A.; Salazar, W.; Gálvez-Paucar, D.; Gonzales, J.; Saravia, D.; Valqui-Valqui, L.; Cárdenas, G.P.; Ocaña, J.; et al. Modeling the Current and Future Habitat Suitability of *Neltuma Pallida* in the Dry Forest of Northern Peru under Climate Change Scenarios to 2100. *Ecology and Evolution* **2024**, *14*, e70158, doi:10.1002/ece3.70158.
 59. Baselly-Villanueva, J.R.; Bazán, F.E.M.; Casas, G.G.; Lozano, A.I.L.; Castedo-Dorado, F.; Álvarez-Álvarez, P. Relación de los factores ambientales con la productividad de *Eucalyptus globulus* en los Andes norperuanos. *Bosque* **2024**, *45*, 103–118, doi:10.4067/S0717-92002024000100103.
 60. Rufasto-Peralta, Y.L.; Baselly-Villanueva, J.R.; Alva-Mendoza, D.M.; Seminario-Cunya, A.; Elera-Gonzales, D.G.; Villena-Velásquez, J.J. Estimación de la calidad de sitio de *Cinchona pubescens* (Rubiaceae), en el bosque montano La Palma, Chota, Perú. *Lilloa* **2023**, *259*–279, doi:10.30550/j.lil/1826.
 61. Sun, W.; Yuan, X.; Liu, Z.-J.; Lan, S.; Tsai, W.; Zou, S.-Q. Multivariate Analysis Reveals Phenotypic Diversity of *Euscaphis Japonica* Population. *PLOS ONE* **2019**, *14*, e0219046, doi:10.1371/journal.pone.0219046.
 62. Yadav, R.K.; Gautam, S.; Palikhey, E.; Joshi, B.K.; Ghimire, K.H.; Gurung, R.; Adhikari, A.R.; Pudasaini, N.; Dhakal, R. Agro-Morphological Diversity of Nepalese Naked Barley Landraces. *Agriculture & Food Security* **2018**, *7*, 86, doi:10.1186/s40066-018-0238-5.
 63. Bessega, C.; Cony, M.; Pometti, C. Genetic Zones of *Neltuma Flexuosa*, the Algarrobo Tree from the Monte Desert in Argentina. *Forest Ecology and Management* **2025**, *586*, 122715, doi:10.1016/j.foreco.2025.122715.
 64. Vega, M.V.; Saidman, B.O.; Vilardi, J.C.; Vega, M.V.; Saidman, B.O.; Vilardi, J.C. Spatial Structure of Phenotypic Traits in Seven Provenances of *Neltuma Alba* (Fabaceae). *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica* **2023**, *58*, 6–6, doi:10.31055/1851.2372.v58.n4.39224.
 65. Esparza-Orozco, A.; Carranza-Becerra, L.; Delgadillo-Ruiz, L.; Bollaín y Goytia, J.J.; Gaytán-Saldaña, N.A.; Mandujano-García, C.D.; Delgadillo-Ruiz, E.; Michel-López, C.Y.; Huerta-García, J.; Valladares-Carranza, B.; et al. Environmental Heterogeneity Drives Secondary Metabolite Diversity from Mesquite Pods in Semiarid Regions. *Ecologies* **2025**, *6*, 19, doi:10.3390/ecologies6010019.
 66. Vidaković, A.; Liber, Z.; Šatović, Z.; Idžojić, M.; Volenec, I.; Zegnal, I.; Pintar, V.; Radunić, M.; Poljak, I. Phenotypic Diversity of Almond-Leaved Pear (*Pyrus Spinosa* Forssk.) along Eastern Adriatic Coast. *Forests* **2021**, *12*, 1630, doi:10.3390/f12121630.
 67. Wang, C.; Gong, H.; Feng, M.; Tian, C. Phenotypic Variation in Leaf, Fruit and Seed Traits in Natural Populations of *Eucommia Ulmoides*, a Relict Chinese Endemic Tree. *Forests* **2023**, *14*, 462, doi:10.3390/f14030462.
 68. Torres-Sánchez, E.; Acosta, J.J.; Hodge, G.R.; Prada, E.; Menéndez-Gutiérrez, M.; Díaz, R. Volume-Based Selection in *Pinus Pinaster* Aiton Breeding: Evaluating Resistance to *Bursaphelenchus Xylophilus* (Steiner & Buhner) Nickle and Wood Properties. *Annals of Forest Science* **2024**, *81*, 46, doi:10.1186/s13595-024-01266-3.
 69. Zhang, Q.; Chen, S.; Qu, G.; Yang, Y.; Lu, Z.; Wang, J.; Tigabu, M.; Liu, J.; Xu, L.; Wang, F. Provenance and Family Variations in Early Growth of Manchurian Walnut (*Juglans Mandshurica* Maxim.) and Selection of Superior Families. *PLoS One* **2024**, *19*, e0298918, doi:10.1371/journal.pone.0298918.
 70. Vallejos, J.; Badilla, Y.; Picado, F.; Murillo, O. Metodología Para La Selección e Incorporación de Árboles plus En Programas de Mejoramiento Genético Forestal. *Agronomía Costarricense*

2010, *34*, 105–119.

71. Duarte, D.; Jurcic, E.J.; Dutour, J.; Villalba, P.V.; Centurión, C.; Grattapaglia, D.; Cappa, E.P. Genomic Selection in Forest Trees Comes to Life: Unraveling Its Potential in an Advanced Four-Generation *Eucalyptus Grandis* Population. *Front. Plant Sci.* **2024**, *15*, doi:10.3389/fpls.2024.1462285.