

Variación genética de progenies de *Pinus caribaea* var. *Hondurensis* Barret y Golfari

The genetic variation in progenies of Pinus caribaea var. Hondurensis Barret y Golfari

G. H. Rodríguez¹, C. R. López²

Recibido en diciembre de 1999; aceptado en febrero del 2002

RESUMEN

Fueron instalados ensayos de progenies de polinización abierta de *Pinus caribaea* var. *hondurensis* en Anhembi (S. P. Brasil) y Selviria (M. G. Brasil) en 1986, con el fin de evaluar la recombinación genética producida en un banco clonal del Centro de Conservación genética y Mejoramiento de Pinos Tropicales.

Los resultados de las evaluaciones efectuadas a los 7 años de edad en altura y diámetro revelaron interacciones significativas de los genotipos con el ambiente.

Las estimaciones de parámetros genéticos permiten esperar importantes ganancias por selección, valorizando la contribución de la recombinación genética producida en el banco clonal.

Palabras Clave: *Pinus caribaea* var. *hondurensis*, ensayo de progenies, interacción genotipo por ambiente, parámetros genéticos.

ABSTRACT

Open pollinated progeny families of *Pinus caribaea* var. *hondurensis* were planted to estimate genetic parameters.

The trials, established at Anhembi (S. P. Brasil) and Selviria (M. G. Brasil) in 1986, were assessed for height, form and diameter growth in 1993.

Large genetic variation among families were found for traits studied. Estimates of genetic parameters indicate a high level of genetic gain for selection among and within families.

Key words: Progeny test Genotype X Environment interaction, genetic parameters

1. INTRODUCCION

El *Pinus caribaea* es una especie de gran interés a nivel mundial debido a sus características silviculturales y calidad de su madera (Gibson, 1987).

De las tres variedades descritas, *Pinus caribaea* var. *hondurensis* es la más plantada en las regiones tropicales y subtropicales (Anouro & Berlyn, 1993). En América del Sur, Brasil cuenta con la mayor superficie plantada (Golfari, 1991).

En razón de su importancia, el Centro de Conservación Genética y Mejoramiento de Pinos Tropicales (C.C.G.M.P.T.) instaló un banco clonal con 400 matrices, con las cuales se establecieron 16 ensayos de progenies en diversas regiones ecológicas de Brasil, para estudiar

¹ Estación Experimental INTA Montecarlo.

² Instituto de Silvicultura y Manejo de Bosques. Facultad de Ciencias Forestales. Universidad Nacional de Santiago del estero. Av. Belgrano (S) 1912, 4200 Santiago del Estero, Argentina. E-Mail: crl@unse.edu.ar

los efectos de la recombinación genética ocurrida en el banco y mejorar su desempeño en las características asociadas a la productividad forestal. (Telles dos Santos & Ferreira, 1991).

En este marco los objetivos del presente trabajo son:

1. Evaluar el desempeño de esas progenies en características asociadas con la productividad forestal comparándolas con las mejores 10 familias.
2. Estimar parámetros genéticos de la población y las ganancias esperadas.
3. Estudiar los efectos de la interacción de los genotipos con el ambiente sobre diámetro y la altura.
4. Estimar el grado de asociación entre las características de crecimiento y la respuesta correlacionada.
5. Establecer bases para la continuidad del programa de mejoramiento.

2. MATERIALES Y METODOS

Fueron utilizadas 132 familias de progenies de polinización abierta de *Pinus caribaea var hondurensis* obtenidas del banco clonal del C. C. G. M. P. T. y 4 testigos de Áreas de Producción de Semillas de la Empresa Duraflora.

2.1. Instalación de los ensayos

En 1986 fueron plantadas 117 y 96 familias de polinización abierta en Anhembi, San Pablo, Brasil y Selviria, Minas Gerais, Brasil, respectivamente, con 81 tratamientos comunes y 4 testigos de material comercial.

La localización y características climáticas de los sitios son:

- Anhembi: Lat. S 22° 47'; Long. O 48° 09'; Altitud 500 m snm; Clima tipo Cwa según clasificación de Köppen, con veranos calientes, lluviosos e inviernos moderadamente fríos y secos. La ocurrencia de heladas es rara, la temperatura media del mes más frío es de 120 C; la precipitación media anual oscila entre 1100 e 1300 mm, con un déficit hídrico de 200 mm; el relieve es ondulado suave y los suelos clasificados como podzólicos, son arenosos y profundos.
- Selviria: Lat. S 20° 22'; Long. O 51° 22'; Altitud 335 m s.n.m, temperatura media anual de 24,5° C y temperatura mínima media de 17,6° C caracterizando una región de invierno no riguroso; la precipitación media anual es de 1232,2 mm; suelo latosol rojo-oscuro y textura arcillosa, profundo, de relieve suavemente ondulado.

2.2. Diseño estadístico

Fueron utilizados látices cuadrados triples no balanceados 11 x 11 y 10 x 10 en Anhembí y Selviria respectivamente, con 3 repeticiones ortogonales, parcelas lineales de 10 plantas espaciadas a 3m x 3m. Se usaron borduras perimetrales dobles.

2.3. Evaluación de los ensayos

Fueron evaluados a los 7 años a través del diámetro a 1,30 m (Dap), altura total (H) y forma de los árboles.

La evaluación de Forma fue realizada con notas (“over score”) resultantes de la combinación de categorías subjetivas de rectitud del tronco, bifurcación y cola de zorro:

0. Descartable Tronco con defecto muy grave (tortuosidad general o bifurcación en la base).
1. Regular Tronco con defecto grave (tortuosidad acentuada en el tercio medio o medio y superior).
2. Aceptable Tronco con defecto bastante visible (tortuosidad leve en el tercio medio o medio y superior).
3. Bueno Tronco con defecto poco visible (tortuosidad acentuada en el tercio superior y cola de zorro).
4. Muy buen. Tronco con defecto leve (tortuosidad leve en el tercio superior).
5. Excelente Tronco sin defecto visible.

Los datos de forma fueron transformados con la fórmula: $z = (\text{nota} + 0,5)^{1/2}$ para aumentar la eficiencia de la prueba de “F” (Vencovsky e Barriga, 1992).

2.4. Análisis estadístico

2.4.1. Análisis de la varianza por sitio

Fue realizado el análisis de la varianza para cada característica a nivel de plantas, conforme con el modelo propuesto por Cochran y Cox, 1965 para látice:

$$Y_{ijkm} = u + t_i + b_{j(k)} + r_k + e_{ij(k)} + d_{m(ijk)}$$

- Y_{ijkm} = observación en el individuo m, del tratamiento i, bloque j, repetición k
 u = media general del carácter;
 t_i = efecto de tratamientos
 $b_{j(k)}$ = efecto de bloques dentro de repeticiones
 r_k = efecto de repeticiones
 $e_{ij(k)}$ = error intrabloque
 $d_{m(ijk)}$ = desvío inherente a la planta m, del tratamiento i, bloque j, repetición k.

Fue utilizado el ajuste de tratamientos y cuadrado medio del error efectivo para eficiencias de látice superiores a 110 %. Para eficiencias menores, los datos fueron analizados como bloques completos al azar.

Análisis de varianza de las progenies

La variación entre tratamientos no refleja solamente la varianza genética de las familias ensayadas sino también la de los testigos. Para aislarla, es necesario descomponer la suma de cuadrados de tratamientos operando con las medias ajustadas de las familias según la siguiente expresión (Vencovsky e Barriga, 1992):

$$E(r\mathbf{s}_{\bar{y}}^2) = \frac{\mathbf{s}^2 ef}{r} + \mathbf{s}^2 m$$

- $\mathbf{s}_{\bar{y}}^2$ = varianza relativa a las medias de progenies
 $\mathbf{s}^2 m$ = varianza relativa a los tratamientos
 $\mathbf{s}^2 ef$ = varianza (media) del error efectivo.

Análisis de varianza conjunta

El análisis conjunto de varianza fue efectuado con medias de progenies ajustadas, abarcando 81 tratamientos comunes a los dos sitios. El modelo matemático utilizado fue (Vencovsky e Barriga, 1992):

$$\bar{Y}_{il} = m + G_i + E_l + (G \times E)_{il} + EEf$$

- \bar{Y}_{il} = Valor fenotípico medio del carácter Y, medido en el tratamiento i, bloque j, sitio l
 m = media general;
 G_i = efecto de genotipos;
 EEf = error efectivo medio;
 E_l = efecto del ambiente;
 $(G \times E)_{il}$ = efecto de la interacción de los genotipos con el ambiente;

El modelo asumido es mixto con efecto de tratamientos aleatorio, y sitios fijo.

Análisis de covarianza

Fueron realizados análisis de covarianza con pares de características para cada sitio y en conjunto, con las progenies comunes a los dos sitios de experimentación.

Estimación de parámetros genéticos

Los componentes de varianzas genéticas y parámetros afines, fueron estimados con las esperanzas de los cuadrados medios generadas por los análisis de varianza y covarianza, conforme la metodología propuesta por Vencovsky e Barriga (1992).

Coefficientes de Heredabilidad

Por sitio

El coeficiente de heredabilidad en sentido restricto para selección entre medias de familias (\bar{h}_m^2) fue obtenido por:

$$\bar{h}_m^2 = \frac{\bar{s}_m^2}{\bar{s}_m^2 + \frac{s_{EEf}^2}{r}}$$

\bar{s}_m^2 = Varianza entre medias de progenies

s_{EEf}^2 = Varianza del error efectivo medio

Para ambos sitios

El análisis conjunto permite desplegar los componentes de varianza debidos a sitios e interacción de los genotipos con el ambiente. La extracción de la varianza de la interacción (σ_{GxE}^2) de la varianza entre progenies (σ_m^2), permite obtener estimaciones de parámetros genéticos más precisas. De esta manera el coeficiente de heredabilidad a nivel de medias, para los sitios en conjunto, es:

$$\bar{h}_m^2 = \frac{\bar{s}_m^2}{\frac{\bar{s}_e^2}{r} + \bar{s}_{GxE}^2 + \bar{s}_m^2}$$

Ganancia genética

Para la estimación de ganancias genéticas a nivel de medias de familias, para cada característica y sitio, fue usada la expresión (Vencovsky e Barriga, 1992):

$$\bar{G}_s = \frac{k \left(\frac{1}{4} \right) s_A^2}{\sqrt{s_F^2}}$$

G_s = ganancia esperada

σ_A^2 = varianza genética aditiva;

σ_F^2 = varianza fenotípica

K = intensidad de selección (1.16)

Covarianza, correlaciones y respuesta correlacionada

- Covarianza genética entre progenies: $Cov_p(XY) = \frac{PM_p - PM_e}{r}$
 PM_p = producto medio entre progenies;
 PM_e = producto medio del error entre parcelas;
 r = número de repeticiones

- Covarianza genética aditiva: $C\hat{O}V_{A(XY)} = 4 C\hat{O}V_{p(XY)}$
- Correlación genética aditiva : $r_{A(XY)} = \frac{C\bar{a}v_{p(XY)}}{\sqrt{s^2_{p(X)} \cdot s^2_{p(Y)}}$
- Correlación fenotípica entre medias de progenies:
 $r_{F(XY)} = \frac{C\bar{a}v_{F(XY)}}{\sqrt{s^2_{F(X)} \cdot s^2_{F(Y)}}}$ $C\bar{a}v_{F(XY)} = C\bar{a}v_p + \frac{C\bar{a}v_e}{r}$
- Respuesta correlacionada: $RC_{y/x} = k \frac{\left(\frac{1}{4}\right) C\bar{a}v_{A(XY)}}{\sqrt{s^2_{F(x)}}$

$Rc_{y/x}$ = respuesta esperada en la característica y (H), por selección x (Dap);

K = intensidad de selección entre progenies,

$\sigma^2_{F(x)}$ = varianza fenotípica, a nivel de medias de progenies para la característica x;

$\sigma^2_{d(x)}$ = varianza dentro de progenies para la característica x.

3. RESULTADOS Y DISCUSION

El desempeño en vigor por sitio que muestra la Tabla 1, evidencia la potencialidad de los materiales ensayados.

Tabla 1. Desempeño de las familias superiores en altura y Dap a los siete años.

Características		Sitios	
		Anhembi	Selviria
Altura Total (m)	Media general	16.40	13.38
	Familias superiores	17.44	14.51
DAP (cm)	Media general	21.40	17.99
	Familias superiores	23.19	19.72
Forma	Media general	3.07	2.66

En Anhembí las 10 mejores familias superan a la media general en 8.36 % y 6.3 % en H y Dap respectivamente. En Selviría los valores de superioridad corresponden respectivamente a 9.6 % y 8.4 %.

La sobrevivencia media es considerablemente alta, alcanzando 94 % y 92.7 % en Anhembí y Selviría respectivamente.

Análisis de varianza por sitio

Fueron detectadas diferencias altamente significativas entre tratamientos en todas las variables consideradas, lo que muestra un comportamiento diferenciado de las familias ensayadas (Tabla2).

El látice mostró eficiencias superiores al 110% en altura y diámetro justificando la conveniencia de su uso. Sin embargo, fue poco eficiente en la variable forma en relación a los bloques al azar.

Los coeficientes de variación experimental indican buena precisión de los experimentos, asignando confiabilidad a los análisis estadísticos.

Los cuadrados medios residuales por sitio no son discrepantes, facilitando la realización del análisis conjunto.

Análisis de varianza conjunto

Fueron detectadas diferencias altamente significativas en las fuentes de variación debidas a familias, sitios, e interacción de familias por sitios en todas las características evaluadas.

Figura 1. Desempeño de las mejores familias en altura

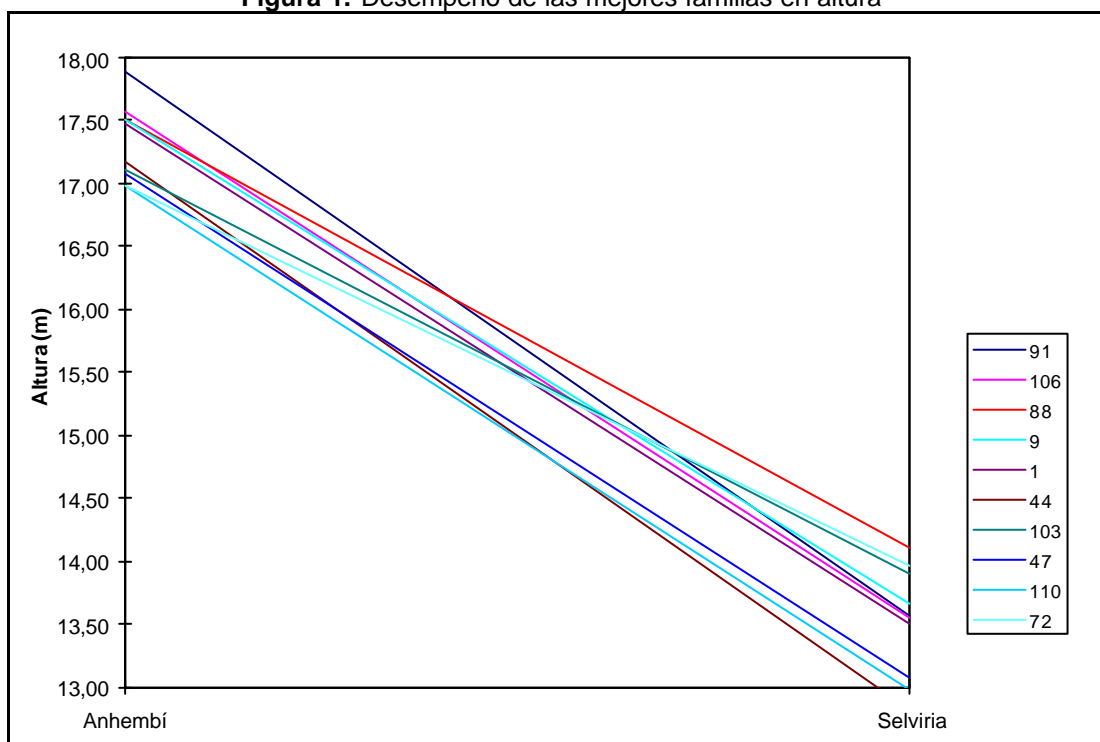
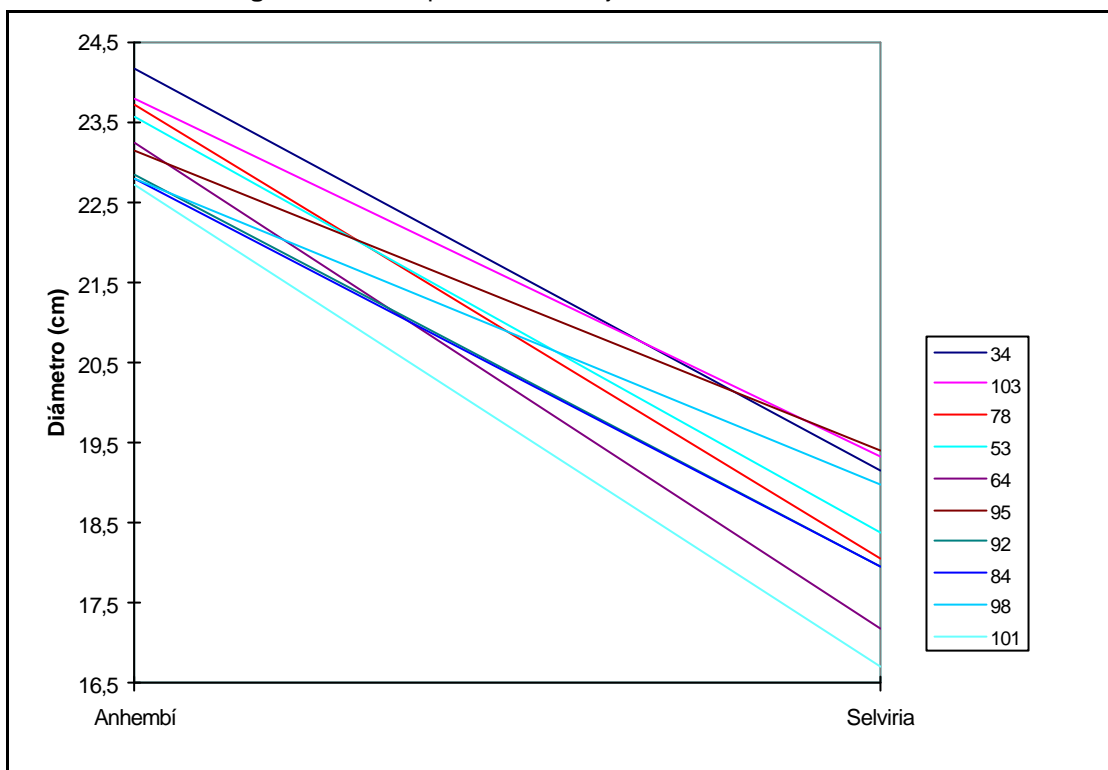


Figura 2. Desempeño de las mejores familias en diámetro

Se destaca particularmente la significancia de la interacción de los genotipos con el ambiente, que indica que existe un comportamiento diferente de las familias en función de los sitios. En consecuencia hay un ordenamiento particular de los genotipos en cada sitio (Figura 1 y 2).

Parámetros genéticos por sitio y en conjunto

La Tabla 2 resume las estimaciones de varianzas genéticas, ambientales y parámetros afines. La contribución en porcentaje de las varianzas genéticas y ambientales a la varianza fenotípica son coherentes con las obtenidas en *Eucalyptus* (López y Fornés, 1993).

Los coeficientes de variación genética en las características de crecimiento son superiores en Selviria, indicando que es el sitio más apropiado para la selección en términos relativos a los promedios originales (Vencovsky y Barriga, 1992). Sin embargo, en términos absolutos el crecimiento es mayor en Anhembí a pesar que es inferior tanto el coeficiente de variación genética como la varianza genética.

Las estimaciones de heredabilidad en sentido restricto, se corresponden con las perspectivas de ganancia estimadas y son coherentes con las observadas en la literatura (Kageyama & Vencovsky, 1983; Moraes, 1987). Sin embargo, son válidas sólo para los sitios donde fueron estimadas debido a que tienen incorporadas las varianzas de la interacción de los genotipos con el ambiente. Las ganancias en forma superan a las de altura y diámetro por ser un carácter de

alta heredabilidad. En Selviria se localizan las mayores ganancias en las variables de crecimiento.

Tabla 2. Parámetros estimados por sitio y en conjunto

	Anhembi			Selviria			Conjunto	
	Altura	Dap	Forma	Altura	Dap	Forma	Altura	Dap
F (tratamientos)	**	**	**	**	**	**	---	---
F (Progenies)	**	**	**	**	**	---	**	**
Sitios	---	---	---	---	---	---	**	**
Genotipo x amb.	---	---	---	---	---	---	**	**
Ef. del Látice (%)	122	110	---	187.5	136	---	---	---
Cv. exp.	3.51	4.9	9.2	4.8	6.8	10.69	2.77	3.35
S_p^2	0.1629	0.5855	0.0702	0.1853	0.5453	0.0196	0.134	0.424
S_p^2 (%)	4.86	4.48	---	6.83	4.40	---	---	---
S_e^2	0.3322	1.1256	0.087	0.4198	1.5227	0.0812	0.125	0.441
S_e^2 (%)	9.91	8.61	---	15.48	12.28	---	---	---
S_d^2	2.8582	11.362	---	2.1062	10.331	---	---	---
S_d^2 (%)	85.23	86.91	---	77.7	83.3	---	---	---
$S_{G \times E}^2$	---	---	---	---	---	---	0.033	0.180
S_A^2	0.6518	2.34	0.2808	0.74	2.18	0.078	0.535	1.696
CVg (%)	2.46	3.57	8.61	3.22	4.10	5.25	2.45	3.28
h_x^2	0.59	0.6	0.62	0.57	0.52	0.42	0.46	0.40
Gs (%)	2.20	3.23	6.9	2.82	3.42	3.96	2.04	2.67
Cov _A		0.56			0.72		0.41	
r _A		0.45			0.47		0.43	
r _F		0.40			0.65		0.47	
Rc _{v/x}		1.01			1.52		0.90	

Las estimaciones de varianza genética de las progenies comunes a los dos sitios son notablemente altas: la varianza genética es 4 y 2.3 veces superior a la varianza de la interacción GxE en altura y Dap respectivamente, a pesar que la última varianza es altamente significativa.

Los valores de heredabilidad para los sitios en conjunto son menores a los correspondientes a los sitios individuales, sin embargo son más precisos y de aplicación más general.

Los progresos esperados con la selección, simulando un porcentaje selectivo de 30%, valoran la recombinación genética verificada en el banco clonal. En las variables de crecimiento, el diámetro supera a la altura en las previsiones de ganancia.

Las correlaciones genéticas muestran cierta influencia de una característica sobre la otra. Estos valores son semejantes a los encontrados en la literatura para diferentes especies forestales (Cotterill & Dean, 1990)

Las estimaciones de correlaciones fenotípicas en general son superiores a las correlaciones genéticas debido a la correlación entre los efectos ambientales en los dos caracteres (Vencovsky y Barriga, 1992).

Las estimaciones de respuesta correlacionada para altura total por selección en diámetro, son positivas y de pequeña magnitud. De esta manera la selección en diámetro provee de ganancias

también en altura. En Anhembí la selección en Dap favorece a la altura en 1.01 % y en Selviria en 1.52 %. Tomando ambos sitios en conjunto, la influencia es 0.90 %.

4. CONCLUSIONES

En base a los resultados obtenidos es posible extraer las siguientes conclusiones:

- El desempeño de los materiales revela gran potencial en las familias ensayadas en las características asociadas con la productividad forestal.
- El comportamiento intermedio de los testigos refleja un grado de mejoramiento, semejante a una área de producción de semillas.
- A nivel de sitios individuales, Selviria es el más promisorio para fines de selección en altura y diámetro. Sin embargo, es el sitio con menor desempeño de los caracteres de crecimiento.
- A nivel de sitios individuales y en conjunto, las variaciones genéticas detectadas entre progenies son relevantes.
- La interacción de los genotipos por ambiente es expresiva indicando la necesidad de seleccionar genotipos estables para propósitos de mejora.
- Las heredabilidades estimadas en sentido restricto a nivel de medias de familias revelan excelentes perspectivas de ganancia para un programa de mejora por selección.
- Las estimaciones de ganancias genéticas con la selección simulada, son promisorias para las características estudiadas.
- Las respuestas correlacionadas revelan consecuencias favorables de la selección en los caracteres de crecimiento.

REFERENCIAS

- Anouro A. & G. Berlyn 1993. Caribbean Pine in Sustainable Tropical Forestry: Distribution, Taxonomy, Ecology, Biotechnology and Silves. Journal of Sustainable Forestry Vol. 1 - Nro. 1.
- Cochran, G. y Cox 1965. Diseños Experimentales. Ed. Trillas México.
- Cotterill, P. & C. Dean 1990. Successfull tree breeding with index selection. CSIRO.
- Gibson, G. L. 1987. A review of provenance testing of commercially important tropical pines In: Simposio Sobre Silvicultura y Mejoramiento Genético de Especies Forestales. Buenos Aires.
- Golfari, L. 1991. Distribución geográfica de las plantaciones de *Pinus caribaea* Morelet en Argentina, Uruguay, Paraguay y Brasil. In: Jornadas sobre *Pinus caribaea* Eldorado, Misiones, Argentina 25-26.
- Kageyama, P. Y. & R. Vencovsky 1983. Variação genética em progênies de uma população de *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. IPEF (24). Piracicaba: 9 - 26.
- Lopez, C. R. y L. F. Fornes 1993. Evaluación de forma y productividad en progenies de *Eucalyptus grandis* (Hill) ex Maiden. In: Congreso Forestal Argentino y Latinoamericano. Paraná, Entre Rios, Argentina.
- Moraes, M. L. T. 1987. Variação genética da densidade básica da madeira em progênies de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden e suas relações com às características de crescimento. Piracicaba. Dissertação (mestrado) - Escola Superior de Agricultura "Luiz de Queiroz", Universidade de São Paulo.
- Telles Dos Santos, P. E. e M. Ferreira 1991. Centro de Conservação Genética e Melhoramento de Pinheiros Tropicais. In: Jornadas Sobre *Pinus caribaea*. Eldorado, Misiones, Argentina. 25-26.
- Vencovsky R., e P. Barriga 1992. Genética Biométrica no fitomelhoramento, Ribeirao Preto, Revista Brasileira de Genética, 496p.

