UNIVERSIDAD DE LA REPUBLICA

FACULTAD DE AGRONOMÍA

EVALUACIÓN DE CRECIMIENTO DE UN ENSAYO DE PROGENIES DE *E. grandis* W. Hill ex Maiden DE 11 AÑOS DE EDAD INSTALADO EN LA ESTACIÓN EXPERIMENTAL BAÑADO DE MEDINA (E.E.B.M)

por

María Fernanda PARDO GONZÁLEZ

TESIS presentada como uno de los requisitos para obtener el título de Ingeniero Agrónomo.

MONTEVIDEO
URUGUAY
2004

Tesis aprobada por:

Director:

_____

Nombre completo y firma

_____

Nombre completo y firma

_____

Nombre completo y firma

Fecha: _____

Autor: _____

Nombre completo y firma

AGRADECIMIENTOS

A los Ing. Agr. Rafael Escudero, Luis Gallo y José García de León, por su dirección y orientación en todas las etapas de este trabajo.

Al personal técnico y no técnico de la Estación Experimental Bañado de Medina, por su amable atención y colaboración durante mi estadía en la estación.

Al Ing. Agr. Oscar Bentancur, por su disposición y asesoramiento en el área estadística.

Y un agradecimiento muy especial a mi familia, por apoyarme incondicionalmente a lo largo de mi carrera.

Dedicado a mis abuelos.

LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES

Cuadro Nº **Página**

1. **Clasificación de Suelos Coneat de la E.E.B.M** **17**
2. **Descripción general del Ensayo** **20**
3. **Densidad de árboles y fallas según bloque, sitio y superficie total del ensayo de progenies** **25**
4. **Valores promedio, mínimo y máximo para las variables dasométricas CAP, Ht, DAP, AB, VOL e IMA_{11}** **26**
5. **Valores absolutos y porcentuales para volumen según bloque y sitio** **27**
6. **Valores absolutos y porcentuales para IMA_{11} según bloque y sitio** **27**
7. **Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable ALTURA (m)** **28**
8. **Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable DAP(m)** **29**
9. **Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable VOLUMEN(m^3)** **29**
10. **Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable IMA_{11}(m^3/año)** **29**
11. **Estimadores de las Varianzas para las variables de crecimiento** **30**
12. **Heredabilidades familiar e individual para las variables de crecimiento** **32**
13. **Ranking de las 25 mejores familias y de las 24 familias de mediana performance** **35**
14. **Valores de Cría para las Fuentes comerciales de Semilla** **36**
15. **Ganancia genética en términos absolutos y relativos para las variables dasométricas** **37**
16. **Frecuencia absoluta y relativa de árboles sinuosos, según bloque y sitio del ensayo** **38**
17. **Frecuencia absoluta y relativa de árboles quebrados, según bloque y sitio del ensayo** **39**
18. **Frecuencia absoluta y relativa de árboles con rebrote en el fuste, según bloque y sitio del ensayo** **40**
19. **Frecuencia absoluta y relativa de árboles con otros defectos** **41**

Figura Nº

1. **Ubicación de la EEBM y del Ensayo de Progenies 16**
2. **Aporte porcentual de los estimadores de varianzas al total de la varianza fenotípica para las variables dasométricas 31**
3. **Heredabilidades familiar e individual para las variables dasométricas 33**
4. **Distribución de los valores genéticos familiares para VOLUMEN(m^3), según número de observaciones, y posición relativa de la mejor familia 34**

TABLA DE CONTENIDO

PÁGINA DE APROBACIÓN ..... **II**
AGRADECIMIENTOS ..... **III**
LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES ..... **IV**

1. INTRODUCCIÓN **1**
2. REVISION BIBLIOGRÁFICA **2**
2.1 CONCEPTOS GENERALES DE MEJORAMIENTO GENÉTICO FORESTAL **2**
2.2. ENSAYOS DE PROGENIES **4**
2.2.1. Definición y objetivos de un Ensayo de Progenies **4**
2.2.2. Tipos de ensayos de progenies y sistemas de cruzamiento **4**
2.2.3. Diseño experimental **6**
2.3. PARÁMETROS GENÉTICOS **7**
2.3.1. Heredabilidad **8**
2.3.2. Ganancia genética **9**
2.3.3. Valor de cría **9**
2.4. MODELOS MIXTOS Y ANÁLISIS ESTADÍSTICO **10**
2.5. CARACTERES DE CRECIMIENTO **10**
2.6. CARACTERÍSTICAS GENERALES DE LA ESPECIE EUCALYPTUS GRANDIS **12**
2.6.1. Distribución natural **12**
2.6.2. Crecimiento de la especie **12**
2.6.3. Factores ambientales adversos para la especie **13**
2.6.3.1. Heladas **13**
2.6.3.2. Sequía **14**
2.6.3.3. Vientos Fuertes **14**
2.6.4. Calidad de la madera **15**
3. MATERIALES Y MÉTODOS **16**
3.1. ASPECTOS GENERALES DEL ENSAYO **16**
3.1.1. Ubicación **16**
3.1.2. Suelos CONEAT **17**
3.1.3. Clima **17**
3.1.4. Descripción del ensayo de progenies **19**
3.2. MEDICIÓN DE CARACTERES **20**
3.2.1. Caracteres cuantitativos **20**
3.2.2. Caracteres cualitativos **21**
3.3. ANÁLISIS ESTADÍSTICO **22**

3.4. ANÁLISIS GENÉTICO 23
4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN 25
4.1. CARACTERES DASOMÉTRICOS DEL ENSAYO DE PROGENIES 25
4.1.1. Estado actual del ensayo -Densidad de Plantación- 25
4.1.2. Variables dasométricas 26
4.2. ANÁLISIS ESTADÍSTICO 28
4.3. ANÁLISIS GENÉTICO 30
4.3.1. Estimadores de varianzas 30
4.3.2. Heredabilidad 31
4.3.3. Valor de Cría 33
4.3.4. Ganancia genética 37
4.4. DEFECTOS 38
4.4.1. Sinuosidad del fuste 38
4.4.2. Árboles quebrados 39
4.4.3. Rebrotes en el fuste 40
4.4.4. Otros Defectos 41
5. CONCLUSIONES 42
6. RESUMEN 44
7. SUMMARY 45
8. BIBLIOGRAFÍA 46
9. ANEXO 50

1. INTRODUCCIÓN

Dentro de las especies de latifoliadas introducidas en el Uruguay, *Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden por su conformación y velocidad de crecimiento es uno de los cultivos más empleados en forestaciones comerciales (Brussa, 1994). Según el Ministerio de Ganadería Agricultura y Pesca (Uruguay, 2003), la superficie forestada bajo proyecto para el año 2002 era de 615.613 ha, de las cuales 152.131,55 ha. correspondían a plantaciones de *E. grandis* (24.7 % de la superficie total, incluye superficie efectivamente forestada y zonas afectadas por la forestación).

La mayor parte de la semilla utilizada en viejas plantaciones provino de la primer introducción, en 1963, desde Sudáfrica. Si bien esta semilla (conocida como Bañado de Medina) sigue siendo utilizada, existen otras plantaciones que han incorporado material mejorado genéticamente de Sudáfrica y USA pero sin evaluación local. Por ello, el INIA (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria) lleva a cabo el Programa Nacional Forestal, y trabaja conjuntamente con la Facultad de Agronomía de forma tal de obtener semilla local mejorada genéticamente (Balmelli, 2001).

La estrategia de mejoramiento incluye la evaluación y selección de árboles superiores de *Eucalyptus grandis*, a través de la instalación de ensayos de progenies en diferentes sitios de nuestro país.

El siguiente trabajo se refiere particularmente a uno de esos ensayos, el cual fue instalado en la Estación Experimental Bañado de Medina para comparar las características de los padres seleccionados, de varias fuentes utilizadas en el país, a través de la evaluación de sus progenies.

Es objetivo de este trabajo evaluar el crecimiento volumétrico del ensayo, establecer la variabilidad del crecimiento entre las familias y árboles individuales que conforman el ensayo, así como también analizar los parámetros genéticos e identificar defectos entre familias y árboles individuales, información que será útil para la selección de los genotipos superiores en etapas posteriores del programa.

2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1. CONCEPTOS GENERALES DE MEJORAMIENTO GENÉTICO FORESTAL

Según Zobel *et al.* (1984) el Mejoramiento Genético Forestal (MGF) es una herramienta adicional de la silvicultura, que estudia el tipo y constitución genética de los árboles utilizados en las operaciones forestales.

El objetivo del MGF es "empaquetar", según los autores, los mejores genes en los mejores genotipos, y luego manipular el ambiente para que esos genotipos reaccionen de forma positiva para producir fenotipos deseables.

En el sentido de analizar las propiedades genéticas del individuo, es preciso dividir el fenotipo en componentes con diferentes causas atribuibles (Falconer, 1989). El concepto de valor fenotípico se expresa a través del siguiente modelo lineal:

(1) $P = G + E$

Donde P corresponde al valor observado (fenotipo) de una característica en un individuo, que está influenciado por el potencial genético G del árbol (genotipo) y por el ambiente E en el cual éste crece. El genotipo no puede ser medido directamente y puede ser únicamente estimado a través de un diseño (Falconer, 1989).

Existe un tercer término en la ecuación (1) de componentes causales del fenotipo, llamado interacción genotipo-ambiente (GxE), término que corresponde cuando existe algún tipo de cambio en la performance del ranking de los genotipos cuando crecen en ambientes diferentes. Esta interacción puede ser estimada cuando las pruebas genéticas son instaladas en más de un ambiente (Zobel *et al.* 1984).

Por lo anterior, el valor fenotípico de un individuo se corresponde con la siguiente ecuación:

(2) $P = G + E + GxE$

Cuando el ensayo es establecido en un solo ambiente, el efecto de la interacción se encuentra escondido en el efecto genético G (Zobel *et al.*, 1984).

Serán tratados algunos conceptos relacionados a la ecuación (1) del valor fenotípico, sin considerar al componente interacción GxE.

En términos de varianza, la ecuación (1) se corresponde con la siguiente expresión:

(3) $VP = VG + VE$

Donde,

VP: varianza fenotípica
VG: varianza genotípica
VE: varianza ambiental

Zobel *et al.* (1984), sostienen que reconocer cada fuente de variación es imprescindible en un programa de MGF. Falconer (1989), considera además que la partición de la varianza en estos componentes permite la estimación de la importancia relativa de los mismos sobre el fenotipo. Este mismo autor, reconoce a la VE (o varianza no genética) como la fuente de error, que reduce la precisión de los estudios genéticos, y por tanto, define que el objetivo de todo mejorador es reducirla al máximo posible a través del manejo y adecuados diseños experimentales. Dentro de este tipo de variación, factores climáticos, nutricionales y errores en la medición son efectos atribuibles a la variación ambiental.

Por otro lado, la VG puede ser dividida en dos componentes: aditivo (V_A) y no-aditivo (V_{NA}), por lo que la VG queda representada por:

(4) $VG = V_A + V_{NA}$

El componente V_{NA} puede ser subdividido en varianzas debido a efectos de dominancia (interacción de los alelos en cada locus), y a efectos de epistasis (interacción entre genes de diferentes loci). La V_{NA} puede ser explotada por medio de cruzamientos específicos y por técnicas de propagación vegetativa (Zobel *et al*., 1984).

La V_A, que es la varianza del Valor de Cría, es el componente más importante, y es aquella varianza debida a los efectos acumulativos de los alelos de los loci de todos los genes que influyen sobre un carácter (Zobel *et al.*, 1984).

2.2. ENSAYOS DE PROGENIES

2.2.1. Definición y objetivos de un Ensayo de Progenies

Según Matheson (1978), cuando los árboles son seleccionados a partir de su mejor performance, el criterio inicial de selección es su fenotipo. Sin embargo, como ya fue citado, éste no es un buen indicador de su verdadero valor genotípico. Una manera de superar este problema es por medio de las pruebas de progenies de árboles seleccionados. En términos generales, una prueba genética es diseñada a partir de la descendencia de una de las poblaciones tipo (población base, población seleccionada y población de mejora) del ciclo de mejoramiento (Ipinza, 1997).

En el sentido clásico de su definición, las pruebas o ensayos de progenies se utilizan con el fin de estimar el valor genético de un individuo a través del comportamiento de su descendencia (FAO, 1980). Esto permite, según Zobel *et al.* (1984), por un lado separar a los padres que presentan un fenotipo superior, que pudo haber sido por el crecimiento de éstos en un buen ambiente, de aquellos que son superiores por causas genotípicas.

Los mismos autores afirman que este proceso implica tiempo, por lo que en términos de eficiencia, y considerando que el objetivo de un programa de MGF es obtener la mayor ganancia genética por unidad de tiempo, éste es el método menos eficiente.

No obstante, los ensayos de progenies permiten obtener información que será crucial para tomar decisiones futuras en los programas de MGF, información útil que permitirá evaluar la aptitud combinatoria de los individuos, estimar parámetros genético-estadísticos, evaluar sub-poblaciones o líneas para usos específicos y evaluar individuos con fines de selección para futuras generaciones (FAO, 1980; Zobel *et al.*, 1984).

Todo ensayo genético debe presentar dos componentes bien definidos: un sistema o diseño de cruzamiento, que detalla el tipo de cruzamiento que presenta el material genético a evaluar; y un diseño experimental o de campo, el cual especifica el diseño estadístico utilizado en la instalación del ensayo (White, 1996).

2.2.2. Tipos de ensayos de progenies y sistemas de cruzamiento

Existen dos tipos de progenies, medio hermanos y hermanos enteros. El primer tipo, también conocido como Half-Sib (HS), comprende progenies que tienen en común un solo progenitor, el árbol madre. El segundo tipo de progenies, conocido como Full-Sib (FS), es aquel en el cual ambos progenitores son comunes para la progenie (Zobel *et al.*, 1984).

La forma en que se combinan los árboles progenitores influye sobre la información que se adquiere a partir de los ensayos genéticos; ya que ello determina el tipo de progenie que se obtiene. Existen dos tipos básicos de cruzamientos: sistema de cruzamiento con padre conocido y sistema de cruzamiento con padre desconocido. En el primer caso, los modelos de cruzamientos utilizados son: diseños factoriales, diseños diálelos y sus variantes, pareja única y modelo anidado. Para el segundo caso, los principales sistemas son: policruzamiento y polinización abierta (FAO, 1980).

En el sistema de polinización abierta ya que la progenie resulta del cruzamiento entre árboles madre conocidos y árboles padre desconocidos, la constitución resultante de la progenie puede presentar hermanos enteros, medio hermanos, integrantes producto de autofecundación o una mezcla de los tres tipos de progenie, a pesar de ello, la progenie es considerada en su totalidad como medio hermanos (Rolando *et al.*, 1983).

Actualmente, este tipo de cruzamiento está siendo empleado en varios programas de MGF basándose en las ganancias genéticas favorables obtenidas por unidad de tiempo, la facilidad logística y el menor costo que este sistema insume, comparado con los diseños de hermanos enteros (White, 2001a).

White (1996) sostiene que, los sistemas de medio hermanos (incluido policruzamiento y polinización abierta) son óptimos o cercanos al óptimo en un amplio rango de condiciones para calcular tanto heredabilidades como el efecto de la interacción GxE, y además para rankear a los progenitores y aún más para maximizar la ganancia para la selección de los mejores progenitores (término conocido como "*backward selection*").

Como ya fue mencionado, las familias de polinización abierta están constituidas no sólo por medio hermanos sino también por otras variantes de cruzamientos. Cuando la autofecundación u otras formas de endogamia ocurren dentro de las familias de polinización abierta, esto generalmente repercute en casos de depresión endogámica sobre características de crecimiento. En teoría, el coeficiente de parentesco para medio hermanos es de 0.25. No obstante, últimamente en muchos trabajos este coeficiente ha sido objetado debido a las frecuentes causas de cruzamientos no aleatorios dentro de la polinización abierta. Por esta razón, Alvear *et al.* (1995), White (1996), Lopez *et al.* (1997), Snedden *et al.* (2001), Balmelli *et al.* (2002a), entre otros autores, utilizan coeficientes de parentescos de mayor valor.

El uso de familias de polinización abierta, como único diseño de cruzamiento, implica que los programas de MGF comiencen con un gran número de familias e individuos por familia, de forma tal de asegurar la máxima ganancia genética en la selección, a pesar de que pueda existir algún grado de depresión endogámica en la progenie (White, 1996).

White *et al.* (1994), haciendo referencia a la estrategia de MGF de *Eucalyptus grandis* realizada en Florida -USA-, sostienen que la utilización de la polinización abierta como sistema de cruzamiento permite el crecimiento de un mayor número de árboles en cada generación, debido a la facilidad de obtener semilla. Esto permite una mayor intensidad de selección, mantener una amplia base genética y reducir ampliamente costos y tiempo de mejoramiento. Por otro lado, sostienen que la pérdida de conocimiento del pedigrí del árbol paternal y la desconocida magnitud del parentesco constituyen las mayores desventajas de este sistema.

2.2.3. Diseño experimental

El diseño experimental de cualquier ensayo genético debe especificar el tipo de diseño, la forma de la parcela (cuadrada, fila, parcela de árbol único) y el número de bloques y sitios, entre otros datos. La elección del diseño de campo determina la eficiencia de un experimento, esto es, la cantidad de información que se habrá de obtener (Stern, 1964).

Muchos diseños son ideales para estimar ciertos parámetros genéticos. Por ejemplo, para varias situaciones White (1996) afirma que el *Diseño de Bloques Completos al Azar,* DBCA, con parcelas de árbol único ("*single tree plot*, STP") es el diseño más eficiente para rankear a los progenitores, en otras palabras, es el diseño que maximizaría la ganancia de la selección de los mejores progenitores (*backward selection*).

Sin embargo, el mismo autor reconoce la desventaja que tiene utilizar parcelas de árbol único para obtener ganancias genéticas en la selección dentro de familias, y es que solamente existe una copia del material genético. Por ello, para realizar selección de los mejores individuos (progenies) dentro de las mejores familias (término conocido como "*forward selection*"), es más eficiente presentar varios individuos por familia creciendo bajo las mismas condiciones; y así poder ser comparados directamente al momento de realizar la selección dentro de familias. Compensando costos y ganancias genéticas, White (1996) sostiene que el número de individuos por familia debe oscilar entre 30 a 50 árboles.

Cuando el ensayo genético es usado tanto para *backward selection* (ranking de progenitores) como *forward selection*, en algunas oportunidades se menciona la ventaja de presentar parcelas en fila sobre parcelas de árbol único, pese a ello, White (1996) considera que no existen grandes diferencias entre éstas.

El DBCA es, hasta ahora, el diseño experimental más utilizado en los ensayos forestales. En éste, cada familia se encuentra representada aleatoriamente en cada bloque. El uso de bloques permite el control de la variabilidad local, exponiendo a las progenies a condiciones de sitios más o menos homogéneas (FAO, 1980).

Las diferencias ambientales, a través del diseño, pueden ser separadas de los efectos genéticos de las familias y dentro de las familias (Zobel *et al.*, 1984). Mediante este diseño se logra que la variación entre bloques pueda eliminarse por medio del análisis estadístico, reduciéndose el error experimental y aumentando la precisión del ensayo. Por otro lado, al existir más de una unidad muestral por cada unidad experimental, también hay que considerar un error de muestreo, el cual mide el fracaso de las observaciones hechas en una unidad experimental. Se espera que el error experimental sea mayor que el error de muestreo, es decir, que la variación entre unidades experimentales sea mayor que la variación entre sub-muestras de la misma unidad (Steel *et al.* 1988).

Generalmente los bloques tienden a ser grandes debido a la cantidad de familias e individuos por familia plantados, generando esto una gran variabilidad ambiental dentro de bloques y esto explica en parte, el porqué algunas veces los estimadores genéticos obtenidos por este diseño estén sobreestimados o presenten grandes errores estándar (Yong-Bi Fu *et al.*, 1998).

Algunas veces el área experimental presenta un gradiente ambiental que causa no sólo heterogeneidad entre bloques, sino también dentro de ellos. Pueden existir al mismo tiempo, micrositios que exhiban excepcionales crecimientos y otros con malos rendimientos. Otro factor que hace compleja la homogeneización dentro de los bloques, es el gran número de familias presentes en ellos, considerando además que debe existir un espacio mínimo para que el árbol crezca libre de competencia. Todos estos factores generan que la variación dentro de bloques sea de importancia cuando el número de familias por bloque supera las 50 (Saenz-Romero *et al.*, 2001).

Como solución a este problema, surge el *Diseño de Bloques Incompletos* (DBI), el cual subdivide cada bloque en bloques más pequeños que presentan algunas familias, no todas. Esto permite controlar la variación ambiental, estableciendo que los DBI sean más eficientes que el tradicional DBCA, especialmente cuando el sitio es muy heterogéneo (Yong-Bi Fu *et al.*, 1998).

2.3. PARÁMETROS GENÉTICOS

La estimación de parámetros genéticos constituye una invaluable herramienta para la toma de decisiones en el proceso del mejoramiento. El contar con una evaluación del grado en que cada característica de interés es transmitida desde los progenitores a su descendencia, resulta fundamental para determinar la ganancia genética asociada a una determinada estrategia de selección (Alvear *et al.*, 1995).

2.3.1. Heredabilidad

La heredabilidad expresa la proporción de la variación dentro de una población que es atribuible a diferencias genéticas entre individuos, y es el parámetro que determina el grado de parentesco entre parientes (Zobel *et al.*, 1984; Falconer, 1989).

Tradicionalmente se definen dos tipos de heredabilidades, conocidas como heredabilidad en sentido amplio (H^2) y en sentido estricto (h^2). La H^2 se expresa según la ecuación (5) (Zobel *et al.*, 1984).

(5) $$H^2 = \frac{\sigma^2_G}{\sigma^2_P} = \frac{\sigma^2_A + \sigma^2_{NA}}{\sigma^2_A + \sigma^2_{NA} + \sigma^2_E}$$

Donde,

σ^2_G = varianza genotípica
σ^2_P = varianza fenotípica
σ^2_A = varianza aditiva
σ^2_{NA}= varianza no-aditiva
σ^2_E= varianza ambiental

Esta relación marca la importancia relativa del genotipo como determinante del valor fenotípico.

La heredabilidad en sentido estricto, define la proporción de la varianza genética aditiva en la varianza fenotípica, ecuación (6).

(6) $$h^2 = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_P} = \frac{\sigma^2_A}{\sigma^2_A + \sigma^2_{NA} + \sigma^2_E}$$ (Zobel *et al.*, 1984)

Ya que el valor de la heredabilidad está determinado por la magnitud de los componentes de la varianza, cualquier cambio en ellos repercutirá en la heredabilidad (Falconer, 1989). El autor resalta que la heredabilidad no es una propiedad de una característica sino de una población, del ambiente al cual la población es sometida y de la manera en que el fenotipo es medido.

La magnitud de la H^2 puede variar entre 0 y 1, un valor cercano a cero puede ocurrir cuando nada de la variación es atribuible a la variación genética. Por otro lado, un valor próximo a la unidad significa que la variación observada fue debida a la variación genética (Zobel *et al.*, 1984).

2.3.2. Ganancia genética

La selección se basa en el principio de que el valor genético promedio de individuos selectos será mejor que el valor promedio de los individuos de una población. Para caracteres cuantitativos, la ganancia genética es medida como un cambio en la media de la población (Zobel *et al.*, 1984).

La respuesta a la selección se expresa generalmente en valores porcentuales, y se mide por medio de la siguiente ecuación.

(7) $\Delta G = i * h^2 * \sigma_P$

Donde,

ΔG = ganancia genética
i = intensidad de selección
h^2 = heredabilidad individual de la característica
σ_P = desviación estándar fenotípica

La intensidad de selección depende solamente de la proporción de la población incluida en el grupo seleccionado (Falconer, 1989).

2.3.3. Valor de cría

El valor de un individuo, juzgado por el valor medio de su progenie es llamado valor de cría, valor genético o "*breeding value*" (Falconer *et al.*, 1989). Ese valor determinado por el promedio de su progenie, obtenida por un determinado esquema de cruzamiento, permite obtener información útil para efectuar raleos selectivos (FAO, 1980).

El valor de cría se expresa generalmente en términos de desviación de la media de la población, es decir, valores positivos o negativos según el valor de la progenie respecto a la media. Los valores de cría son importantes pues cada progenitor contribuye sólo en la mitad de los genes de su progenie, mientras que la otra mitad proviene de otro miembro de la población (Zobel *et al.*, 1984).

2.4. MODELOS MIXTOS Y ANÁLISIS ESTADÍSTICO

El análisis de datos y su correcta interpretación, son las etapas finales de un programa de ensayos genéticos. Actualmente, un nuevo tipo de análisis conocido como Análisis de Modelos Mixtos está siendo utilizado por varios programas de MGF (White, 2001b).

Los modelos mixtos se componen de efectos fijos (considerados una población finita) y de efectos aleatorios (considerados como una muestra aleatoria de una población) (Steel *et al.*, 1988).

El supuesto que los efectos genéticos sean variables aleatorias, permite la estimación de los componentes de varianza y covarianza, que son los parámetros genéticos de importancia (White, 1996). Por muchos años, métodos basados en análisis de varianza (ANOVA) fueron utilizados para estimar estos componentes, siendo correctos estadísticamente cuando los datos eran balanceados. Pero para el caso de datos no balanceados, últimamente, se prefieren métodos de REML (*Restricted Maximun Likelihood*).

El considerar a los efectos genéticos como efectos aleatorios, permite utilizar tres métodos para predecir los valores de cría: *Índice de selección* (IS), *Best Linear Prediction* (BLP) y *Best Linear Unbiased Prediction* (BLUP), (White, 1996).

La importancia de los modelos mixtos, según White (2001b), radica en el hecho que pueden ser calculados los valores genéticos predichos de los BLUP´s, siendo métodos óptimos para rankear genotipos (familias, clones o progenitores), aproximándose al verdadero ranking genotípico. Esto significa que, la ganancia genética esperada, para cualquier tipo de selección, será mayor cuando se utilizan los BLUP´s para elaborar rankings.

2.5. CARACTERES DE CRECIMIENTO

Respecto a las características de crecimiento, Zobel *et al.* (1984) mencionan que la genética del crecimiento es compleja, y usualmente está influenciada por los componentes no-aditivos y ambientales. También destacan la importancia de la interacción GxE, la cual restringe la ganancia cuando una población es destinada a ser plantada en otras áreas.

Wei *et al.* (1995), sostienen que las heredabilidades incrementan con la edad, tanto para altura como DAP. En su investigación, realizada en China con *Eucalyptus urophylla*, los resultados estimados de heredabilidades para DAP variaron entre 0.19 y 0.34, mientras que para altura fueron entre 0.25 y 0.39 (entre el primer y cuarto año de edad).

Ensayos establecidos en la zona central de Chile, para *E. camaldulensis* muestran que las heredabilidades individuales asociadas a las variables de crecimiento son bajas. Las h^2 calculadas fueron de 0.19± 0.02, 0.14± 0.02 y 0.12± 0.01, para altura (H), DAP y DAP^2 * H, respectivamente (DAP^2 * H, término considerado como estimación del volumen). Estimaciones para las mismas características de crecimiento para *E. globulus ssp globulus*, revelaron heredabilidades de 0.20±0.02 para altura, 0.21±0.02 para DAP y 0.15±0.02 para DAP^2 * H. Cabe destacar que los valores anteriores de heredabilidades se corresponden con ensayos de 3 a 4 años de edad (Alvear *et al.*, 1995).

Ensayos de progenies de *E. grandis*, instalados en Sudáfrica manifestaron heredabilidades individuales moderadamente altas para la variable volumen, 0.31±0.13, 0.41 ±0.17 y 0.53±0.21, para los 3, 5 y 9 años de edad (Van Wyk, 1990).

Por otro lado, programas de mejoramiento desarrollados en Sudáfrica han logrado para la tasa de crecimiento de poblaciones F2 de *E. grandis*, ganancias medias del orden del 39% sobre poblaciones testigos sin mejoramiento. Esas mismas poblaciones F2, obtuvieron en promedio un 14% más de volumen respecto a las poblaciones F1. Dichas ganancias genéticas han significado menores turnos de rotación (Verryn, 2002).

El INIA desde 1993, viene implementando en Uruguay una estrategia de MGF para las especies forestales de interés, *E. grandis* y *E. globulus ssp globulus*, considerando en la primera instancia de evaluación, caracteres de crecimiento y productividad.

Para *E. globulus ssp globulus*, los datos obtenidos de pruebas de progenies de polinización abierta de 32 y 56 meses de edad, revelaron heredabilidades de entre 0.02-0.76 para altura; entre 0.06-0.48 para DAP; y entre 0.06-0.40 para volumen / árbol (Balmelli *et al.*,2002b).

La primer generación de *E. grandis*, constituida por pruebas de progenies también de polinización abierta de 8, 32 y 56 meses de edad, mostró datos de heredabilidades muy similares para las características de crecimiento, variando entre 0.10-0.38 para altura, 0.08-0.43 para DAP y 0.08-0.38 para volumen. Las mismas variables fueron consideradas en la 2ª generación de *E. grandis* a los 32 meses de edad, resultando en general mayores valores de heredabilidades que los obtenidos en la 1er generación. Dichos resultados fueron de 0.30±0.04 para altura, 0.39±0.04 para DAP y 0.37±0.04 para volumen / árbol (Balmelli *et al.*, 2002a).

2.6. CARACTERÍSTICAS GENERALES DE LA ESPECIE EUCALYPTUS GRANDIS

2.6.1. Distribución natural

Eucalyptus grandis W.Hill ex Maiden, es uno de los cultivos más empleados en forestaciones comerciales por su conformación, velocidad de crecimiento y buena madera (Brussa, 1994).

El área central de su distribución natural abarca la costa este australiana, sobre la línea divisoria entre Queensland y New South Wales, a una distancia máxima de 160 km. de la costa (Meskimen *et al.*, 1990).

El clima en su distribución natural es subtropical húmedo, con temperaturas mínimas promedio durante los meses más fríos entre 2ºC y 10ºC, y temperaturas máximas promedio cercanas a los 29ºC durante los meses más cálidos. La precipitación promedia entre 1020 y 1780 mm anuales, concentrada en la época estival (Meskimen *et al.*, 1990).

Prefiere los suelos con buena capacidad de retención de agua, profundos, de texturas limosas y bien drenados (Brussa, 1994).

2.6.2. Crecimiento de la especie

Como ya se citó, esta especie presenta buenas velocidades de crecimiento; Burgess (1980) menciona que bajo plantaciones comerciales en la región australiana, se han reportado incrementos en volumen del orden de 15 a 20 m^3/ha/año entre los 10 y 29 años de edad, alcanzando valores máximos de 31.9 m^3/ha/año. En cambio, el mismo autor cita datos extremos de 70 m^3/ha/año, logrados en el extranjero.

Darrow (1995), observó en plantaciones comerciales de *E.grandis* en Sudáfrica, incrementos medios anuales (IMA) mayores a los 60 m^3/ha/año. En plantaciones de la región argentina, se han registrado a los 10 años de edad IMA desde los 26 m^3/ha/año en suelos arcillosos (Vertisoles), hasta valores que superan los 50 m^3/ha/año en los mejores suelos (arenas pardas) considerados para dicha región (Dalla-Tea *et al.* 1994).

Según Bennadji *et al.* (1997), en Uruguay las plantaciones muestran un crecimiento promedio de 25 a 30 m^3/ha/año.

2.6.3. Factores ambientales adversos para la especie

El principal énfasis de la mayoría de los programas de MGF es obtener árboles de rápido crecimiento, con buena forma, bien adaptados y resistentes a las plagas (Zobel *et al.*, 1984).

Ambientes adversos son consecuencia de varias condiciones climáticas y/o ambientales como ser: sitios muy secos, sitios muy húmedos, sitios muy fríos, con vientos fuertes, con deficiencia nutricional edáfica, entre otras.

Sobre la base de lo anterior, en las próximas líneas se hará alusión de los fenómenos ambientales considerados adversos para la especie bajo estudio, así como también, las consecuencias que éstos provocan sobre la calidad de la madera.

2.6.3.1. Heladas

Es bien conocido que una de las principales limitantes en plantaciones comerciales de eucaliptos es la ocurrencia de heladas. Higa *et al.* (1997), estudiaron el comportamiento de varias especies de eucaliptos en un área de ocurrencia de heladas en la Región Sur de Brasil. En dicha región se registraron de 1 a 40 heladas por año, con temperaturas mínimas absolutas de 5ºC a -10ºC. A partir de dicho estudio, y considerando particularmente a la especie *E. grandis*, los resultados reflejaron que a esta especie el efecto acumulativo de heladas afecta de sobremanera su crecimiento. A los 8 años de edad se determinaron como indicadores de adaptabilidad para las condiciones de plantación, la sobrevivencia y el porcentaje de árboles bifurcados, obteniéndose valores de 16.6% de sobrevivencia y sin datos de bifurcación.

Según la intensidad de las heladas y la especie (procedencias y/o familias), el daño en el árbol puede ser parcial o generalizado. El efecto del daño se traduce en una pérdida de crecimiento cuando la parte afectada es el follaje y ramas; cuando el daño implica rajaduras de corteza y oxidación del cambium, el árbol generalmente muere o rebrota débilmente (Parra *et al.*, 1994).

El INIA evaluó la variación genética para la resistencia a heladas de la población base de *E. grandis* en el departamento de Tacuarembó, Uruguay. Los valores de h^2 estimados en la población base fueron para heredabilidad individual (h^2_i) de 0.11±0.13 y para heredabilidad familiar (h^2_f) de 0.20±0.22; valores que sugieren que esta característica está bajo un débil control genético (Balmelli *et al.*, 1997). Además, estos datos concuerdan con los datos registrados por Van Wyk, citado por Balmelli *et al.* (1997), quien registró bajas heredabilidades individuales para resistencia de heladas del orden de 0.10.

Por otra parte, otros autores citados por Balmelli *et al.* (1997), han estimado para otras especies de eucaliptos, heredabilidades que manifiestan un moderado a alto control genético de esta característica. Por ejemplo, Volker encontró h^2_i entre 0.23-0.44 para *E.nitens*, h^2_i entre 0.29-0.50 para *E. globulus ssp globulus*; Tibbits registró h^2_i entre 0.46-0.66 para *E.nitens*.

Parra *et al.* (1994), hacen referencia que en la selección de aquellas procedencias y familias con volumen interesante, es fundamental considerar como prioritario aquellas de menor susceptibilidad al frío, reflejada en sobrevivencia y estado sanitario de los árboles.

2.6.3.2. Sequía

Si bien el fenómeno de heladas representa la principal limitante en *E.grandis*, también es de importancia el fenómeno sequía. Darrow (1995), señala que esta especie no puede soportar condiciones severas de sequía en áreas donde el agua edáfica es limitada.

2.6.3.3. Vientos Fuertes

Otro fenómeno ambiental que afecta plantaciones de eucaliptos es la incidencia de vientos fuertes. Según Wang *et al.*(1996), cuando la fuerza total del viento sobre un árbol excede cierto valor crítico, el árbol puede ser sometido a quebraduras o vuelcos del fuste. Estos autores consideran que no sólo mejorando genéticamente la tolerancia a fuertes vientos resulta en mejores volúmenes de madera, sino que también mejora la calidad de la madera.

Guoxiang *et al.*(1995), encontraron correlaciones positivas entre resistencia a fuertes vientos y diámetro del árbol, sugiriendo que es muy posible mejorar ambas características simultáneamente.

Existen evidencias de correlaciones positivas entre crecimiento y otras características de interés que permitirían selecciones simultáneas; Balmelli (2001) hace referencia de la correlación positiva existente entre el crecimiento de *E.grandis* con la tolerancia al frío y rectitud del fuste.

2.6.4. Calidad de la madera

Zobel *et al.* (1995), opinan que si bien la mayoría de las propiedades de la madera presentan un alto control genético, cambios sobre la forma del árbol (rectitud del fuste) y hábito de ramificación, son frecuentemente la manera más rápida de mejorar las propiedades de la madera.

Rolando *et al.*(1983) destacan la importancia económica de la rectitud del fuste, pues este carácter determina la calidad, utilización y aprovechamiento de la madera.

La calidad del fuste, según Ehrenberg (1970), está caracterizada principalmente por la forma del fuste, su crecimiento y por el desarrollo de la ramificación. Teniendo en cuenta las propiedades del fuste, la rectitud del mismo es generalmente la característica más deseada para todos los propósitos comerciales (aserrío, pulpa, etc.). Desviaciones de la rectitud, reducen tanto el valor económico y el volumen comercial, como también implican mayores costos de manipulación y transporte (Ehrenberg, 1970).

La rectitud es esencial para la formación de madera de calidad; defectos como bifurcaciones, sinuosidades, diámetros gruesos de las ramas, amplias y extendidas copas, entre otros, influencian negativamente la anatomía y estructura de la madera (Ehrenberg, 1970).

3. MATERIALES Y MÉTODOS

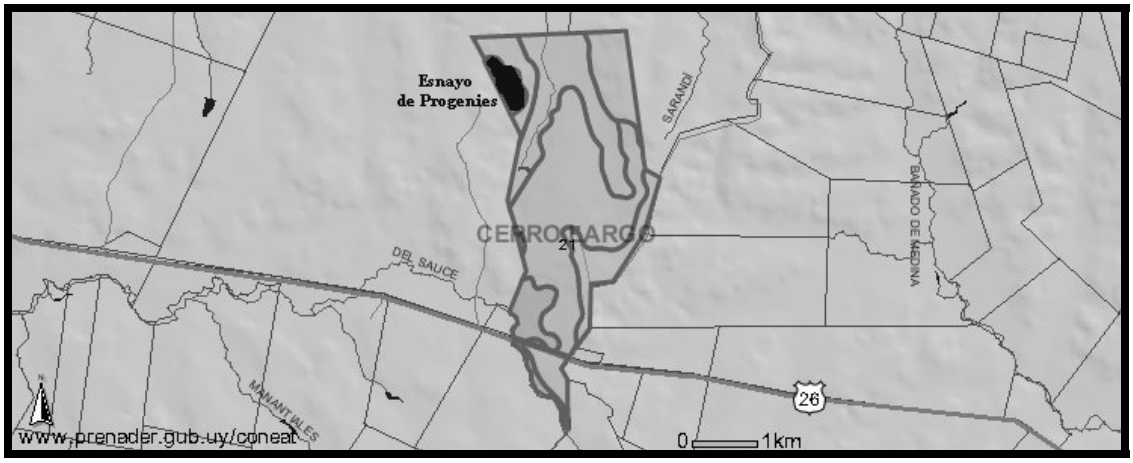
3.1. ASPECTOS GENERALES DEL ENSAYO

En los siguientes ítems serán tratados aspectos generales del ensayo de progenies bajo estudio, referentes a su ubicación y a características generales del sitio en donde fue instalado.

3.1.1. Ubicación

El material en estudio fue instalado en el Departamento de Cerro Largo, en la Estación Experimental de Bañado de Medina (E.E.B.M.), Facultad de Agronomía, Uruguay. La estación experimental se ubica sobre la Ruta 26, Km 408, en la 6$^{ta.}$ sección policial, a 28 Km de la ciudad de Melo. (Figura Nº 1)

Se encuentra a 32°35´ latitud S y 54°15´ longitud W, y a una altitud de 94 m sobre el nivel del mar.



Fuente: http://www.prenader.gub.uy/coneat

Figura Nº 1. Ubicación de la EEBM y del Ensayo de Progenies.

3.1.2. Suelos CONEAT

La E.E.B.M. ubicada en el padrón nº 21 del Departamento de Cerro Largo, cuenta con 6 grupos de suelos, según la clasificación CONEAT. (Cuadro Nº 1)

Cuadro Nº 1
Clasificación de Suelos Coneat de la E.E.B.M

Grupo	Índice	Unidad de suelo
G03.22	22	Río Tacuarembó
3.51	35	R. de Ramírez
6.3	109	Aº Hospital
6.8	109	Aº Blanco
8.5	105	Zapallar
13.32	149	F. Muerto

Fuente. URUGUAY.2004.
Dirección Nacional de Suelos. CONEAT.

La prueba de progenies se encuentra en el grupo 8.5 de la clasificación CONEAT. Este grupo está integrado por dos asociaciones de suelos, siendo la segunda zona la que comprende a la EEBM. A continuación se detalla la información concerniente a la segunda zona.

Se localiza entre los arroyos Zapallar y Sarandi, en el Dpto. de Cerro Largo. El material geológico lo constituyen areniscas rojas de la formación Yaguarí o areniscas redepositadas sobre ésta. El relieve es de colinas sedimentarias no rocosas y lomadas fuertes con pendientes de 5 a 10%. Los suelos dominantes son Luvisoles Melánicos Albicos (Praderas Arenosas) moderadamente profundos, de color pardo oscuro, textura franco arenosa, imperfectamente drenados y fertilidad muy baja. Asociados a estos, se encuentran Luvisoles Umbricos Albicos (Praderas Arenosas), muy profundos, de color pardo oscuro, textura franco arenosa, imperfectamente drenados y fertilidad extremadamente baja. La vegetación es de pradera estival, pero mejor que la de los otros grupos de la zona 8, lo que permite realizar ciclo completo e invernada. Se puede hacer agricultura con medidas intensas de conservación. Se corresponde con la unidad Zapallar de la carta a escala 1:1.000.000 (D.S.F).

3.1.3. Clima

La información climática de la zona de Bañado de Medina fue suministrada por la Dirección Nacional de Meteorología (Dirección de Climatología y Documentación), la misma corresponde a la estación meteorológica instalada en la ciudad de Melo. Los

datos de precipitaciones, por su parte corresponden a la estación meteorológica de la propia estación experimental.

Las variables climáticas consideradas en este punto fueron: precipitación anual; temperaturas mínima, máxima y promedio; humedad relativa anual; heladas y tormentas (este último fenómeno meteorológico incluye tormentas eléctricas, vientos fuertes, etc.)

Los registros climáticos recabados de las respectivas variables corresponden al período 1993-2004; se consideró este período para establecer algún tipo de relación entre la influencia ambiental y la situación actual del ensayo (estado sanitario y defectos). Cabe mencionar que, en el cálculo de valores medios, máximos y mínimos para las variables climáticas fue considerado el período 1993-2003, ya que los registros del año 2004 podrían sesgar los valores reales de las variables de la zona (excepto para la variable tormentas en la que se consideró el período 1993-2001 por presentar únicamente los registros correspondientes al mismo).

A partir de los registros obtenidos se observó que la zona presentó precipitaciones totales medias de 1563 mm anuales, registrándose una precipitación máxima de 2360 mm y mínima de 1067 mm, para los años 2002 y 1999 respectivamente (Anexo Nº 1).

La temperatura media anual fue de 17.7 °C, siendo la temperatura media mínima de -2.8 ºC y una media máxima de 37.5°C (Anexo Nº2 y Nº3).

El promedio anual de humedad relativa (H.R.) fue de 76%, con una marcada tendencia de mayor porcentaje de H.R. en invierno, oscilando el 80 %, en cambio en verano se registraron menores valores cercanos al 70% (Anexo Nº4).

El período de heladas en la zona abarca los meses de mayo a octubre, registrándose mensualmente un promedio de 2 a 5 heladas, siendo más frecuente la ocurrencia de heladas en el mes de julio. Anualmente la frecuencia promedio de heladas fue de 12 días, habiéndose registrado una máxima de 32 días con heladas en el año 1996 y una mínima de 2 días en 1998 (Anexo Nº5).

El fenómeno climatológico tormenta, definido por la Dirección Nacional de Meteorología, incluye como ya fue citado, registros relacionados con tormentas eléctricas, tormentas de viento, entre otras. La frecuencia mensual promedio de días con tormenta para el período 1993-2001 oscila entre 2 a 5 días. Considerando el mismo período, el promedio anual de tormentas fue de 42 días, siendo el año 1997 el que presentó el máximo absoluto de días con tormenta (110 días). Los datos para viento, registran que predominan en la zona vientos fuertes desde el Este.

3.1.4. Descripción del ensayo de progenies

El ensayo de progenies instalado en la E.E.B.M se encuentra dentro del proyecto "Selección y Evaluación de árboles superiores e Introducción y Evaluación de especies de Eucalyptus", proyecto que consiste en una de las líneas de investigación llevada a cabo en forma conjunta por el Programa Nacional Forestal del I.N.I.A y la Facultad de Agronomía, dentro del marco del F.P.T.A. (Fondo de Promoción de Tecnología Agropecuaria).

Durante el año 1992, fueron seleccionados árboles superiores de *E. grandis* en plantaciones comerciales y ensayos de introducción en todo el territorio nacional, poniendo énfasis en la diversidad genética de los bosques.

Con este material, se instalaron tres pruebas de progenies por parte del INIA en las zonas 7, 8 y 9 de CIDE y dos repeticiones por parte del Departamento Forestal de la Facultad de Agronomía, una en la Estación Experimental de Bañado de Medina (E.E.B.M.) y otra en el Centro Forestal Nº2 "El Carmen" de Caja Bancaria. Esta estrategia de mejoramiento genético realizada por el Programa Nacional Forestal del INIA implica la evaluación de recursos externos y la selección local.

La Prueba de Progenies de la E.E.B.M fue instalada a partir de la selección de 113 árboles de *E. grandis* y 6 fuentes de semilla comercial en el país, utilizadas como material de comparación (Anexo Nº6). El siguiente cuadro, resume las características generales del ensayo.

Cuadro Nº 2
Descripción general del Ensayo

Especie Forestal	*Eucalyptus grandis* W. Hill ex Maiden
Producción de plántulas	Producidas en la E.E.B.M. Siembra de almácigos: 26 de marzo de 1993 Repique de las plántulas a envases de polietileno de 8 x 15 cm, a comienzos de mayo.
Preparación del sitio	Laboreo total, con una pasada de arado y dos de excéntrica, un mes antes de la plantación
Plantación	Fecha: 27 de octubre y 7 de noviembre de 1993. Técnica: Palas Michigan y alambres plantadores.
Espaciamiento	3 x 3 metros (1111 árboles/ha)
Progenies	Medio Hermanos (polinización libre).
Diseño del ensayo	Diseño de Bloques Completos al Azar (DBCA)
Superficie total	4.82 ha. totales fraccionadas en dos sitios: 2.14 ha. incluyen los bloques I al IV, y 2.68 ha. comprenden los bloques V al IX.

Fuente. Material otorgado por el Departamento Forestal.

El ensayo se instaló considerando como diseño experimental al DBCA. Este diseño cuenta con 9 repeticiones (bloques) originalmente completas, 4 en un sitio y 5 en otro (Anexo Nº 7 y Nº 8). Los tratamientos en este caso son las 119 familias, las cuales se encuentran representadas en todas las repeticiones y distribuidas aleatoriamente dentro de las mismas (según los principios del propio DBCA). Las parcelas en fila también están distribuidas aleatoriamente dentro de cada bloque, con un tamaño de 5 árboles/parcela. (Anexo Nº 9, Nº 10, Nº 11, Nº 12, Nº 13, Nº 14, Nº 15, Nº 16 y Nº 17).

Originalmente el ensayo estaba constituido por un total de 5355 observaciones, pero debido a las pérdidas sufridas durante el período post-plantación y considerando que el período de reposición de plantas fue realizado fuera de tiempo, fueron cuantificadas 4029 observaciones constituyendo así un DBCA desbalanceado.

3.2. MEDICIÓN DE CARACTERES

Caracteres cuantitativos y cualitativos fueron medidos, considerando los objetivos de este trabajo.

3.2.1. Caracteres cuantitativos

Las variables dasométricas medidas directamente en el ensayo fueron: circunferencia a la altura de pecho (CAP), altura total (Ht) y altura de quebradura del fuste. Para ello, los instrumentos utilizados fueron cinta métrica y Vertex III.

La metodología de relevamiento de datos consistió en medir todos los individuos presentes en el ensayo, a excepción de los árboles cuyo CAP fuera menor o igual a 200 mm., individuos considerados en este caso como fallas.

A partir de los datos recabados a campo, se calculó el diámetro a la altura de pecho (DAP) y el Área basal (AB), ecuaciones 8 y 9 respectivamente.

(8) $DAP\ (metros) = CAP\ (mm) / \pi * 1000$

(9) $AB\ (m^2) = DAP^{\,2} * \pi/4$

Para el cálculo del volumen real (ecuación 10) fue utilizado arbitrariamente un factor de forma de 0.5; ya que uno de los objetivos de este trabajo pretende evaluar la variabilidad existente entre las familias y árboles individuales, y establecer parámetros genéticos del ensayo, el cálculo de un factor de forma para cada clase diamétrica escapa los objetivos del mismo, por lo que fue considerado como una constante en todo el ensayo.

(10) $Volumen\ Real\ Individual\ (m^3) = AB\ (m^2) * Ht\ (m) * 0.5$

También fue calculado el incremento medio anual a los 11 años de edad (IMA_{11}), según la ecuación 11.

(11) $IMA_{11}\ (m^3/año) =$ volumen real / edad de la plantación

3.2.2. Caracteres cualitativos

Dentro de los caracteres cualitativos observados en el ensayo figura rectitud del fuste, éste a diferencia de otros trabajos no fue cuantificado por medio de una escala numérica, sino que subjetivamente fueron identificados aquellos individuos que presentaban sinuosidad en el fuste.

Según la definición utilizada por Rolando *et al.* (1983), se entiende por sinuosidad del fuste a la "*desviación de una parte del fuste de la línea predominante de él mismo, en cualquier plano"*.

Otros caracteres fueron observados de forma tal de identificar la respuesta de cada familia e individuos frente a la exposición de factores ambientales adversos, que determinarían defectos en los individuos, y que repercutirían en su crecimiento y calidad maderera. Dentro de esos caracteres figuran: presencia de ejemplares muertos en pie o

secos, bifurcación del fuste, fuste quebrado, presencia de rebrotes en el fuste, árbol dominado, entre otros.

Las observaciones registradas para cada carácter cualitativo no permitieron realizar ningún análisis estadístico, por lo que todos estos caracteres se evaluaron en términos porcentuales; por lo anterior, estimaciones de parámetros genéticos no pudieron ser cuantificadas.

3.3. ANÁLISIS ESTADÍSTICO

El modelo lineal mixto asociado a la prueba de progenies para una característica en particular es:

$$Y_{ijk} = \mu + B_i + F_j + (BxF)_{ij} + e_{ijk}$$

Donde, Y_{ijk} es el valor fenotípico de la característica observada; μ es un parámetro poblacional fijo (media general); B_i es el efecto aleatorio del i-ésimo bloque; F_j es el efecto aleatorio de la j- ésima familia; $(BxF)_{ij}$ es el efecto aleatorio de la interacción entre el i-ésimo bloque y la j- ésima familia (conocido también como Error Experimental o Error atribuible a la parcela); y e_{ijk} es el efecto aleatorio residual del k-ésimo individuo (o Error de Muestreo). Además, i = 1...9 número de bloques; j = 1...119 número de familias; y k = 1...5 número de árboles/familia/bloque.

Este modelo lineal asume que $Y_{ijk} \sim NID\ (0, \sigma^2_P)$; $B_i \sim NID\ (0, \sigma^2_B)$; $F_j \sim NID\ (0, \sigma^2_F)$; $(BxF)_{ij} \sim NID\ (0, \sigma^2_{BF})$; y $e_{ijk} \sim NID\ (0, \sigma^2_e)$.

El modelo mixto fue aplicado con el objetivo de estimar los componentes de varianza de las variables aleatorias y para obtener los valores de cría (BLUP´s) de las 119 familias evaluadas.

El análisis estadístico fue realizado por medio del paquete estadístico S.A.S. versión 8.2; utilizando como método de estimación de los componentes de varianza el REML (*Máxima Verosimilitud Restringida- Restricted Maximun Likelihood-*) y el procedimiento S.A.S. MIXED.

Fue seleccionado el método REML, ya que el método de los momentos (GLM - *General Linear Models* -) presenta desventajas en el análisis; una de ellas es que los estimadores de varianzas pueden llegar a dar valores negativos, y una segunda desventaja es que estos estimadores (derivados de las esperanzas de los cuadrados medios de un ANOVA de efectos fijos) no presentan una distribución normal asintótica.

La aplicación del método REML permitió estimar los componentes de varianza y sus respectivos desvíos estándar, de esta forma se determinó que estos estimadores presentan una distribución asintóticamente normal, y además, considerando cierta

probabilidad (dada por el método) se definió que es posible encontrar al verdadero valor de los parámetros dentro de un rango definido.

Con el fin de rankear individuos dentro de cada familia, los valores fenotípicos fueron ajustados por el efecto bloque y parcela (interacción bloque-familia).

3.4. ANÁLISIS GENÉTICO

Fueron consideradas, para los caracteres dasométricos Ht, DAP, Volumen (VOL) e IMA, heredabilidades individuales y familiares, con sus respectivos errores estándar.

$$(12) \qquad h^2_f = \frac{\sigma^2_f}{\sigma^2_f + \sigma^2_{bf}/b + \sigma^2_e / n.b}$$

$$(13) \qquad s.e.(h^2_f) = \sqrt{\frac{Var(\sigma^2_f)}{(\sigma^2_f + \sigma^2_{bf}/b + \sigma^2_e / n.b)^2}}$$

Donde, h^2_f es la heredabilidad familiar; $s.e.(h^2_f)$ es el error estándar de la heredabilidad familiar; σ^2_f σ^2_{bf} y σ^2_e son los componentes de varianzas para familia, interacción y error; b es el número de repeticiones; n es el número de individuos por parcela (n = 3.4355, valor promedio de individuos por parcela, coeficiente calculado a partir del procedimiento GLM); y Var (σ^2_f) es la varianza del componente de varianza para la familia.

Un coeficiente de parentesco de 0.4 fue utilizado para corregir desviaciones en la relación de medio hermanos, por lo que la heredabilidad individual estimada se expresa como:

$$(14) \qquad h^2_i = \frac{2.5 * \sigma^2_f}{\sigma^2_f + \sigma^2_{bf} + \sigma^2_e}$$

$$(15) \qquad s.e.(h^2_i) = \sqrt{\frac{6.25 * Var(\sigma^2_f)}{(\sigma^2_f + \sigma^2_{bf} + \sigma^2_e)^2}}$$

Donde, h^2_i es la heredabilidad individual; $s.e.(h^2_i)$ es el error estándar de la heredabilidad individual; σ^2_f , σ^2_{bf} y σ^2_e son respectivamente los componentes de varianza para la familia, interacción bloque por familia y error; y Var (σ^2_f) es la varianza del componente de varianza para la familia.

El otro parámetro genético estimado fue el Valor de cría el cual, según lo citado, se corresponde con los valores predichos de los efectos aleatorios para el efecto familia,

BLUP´s, calculados por el modelo mixto. Conocido este valor, para las variables DAP, Ht y VOL, se realizó un ranking dejando arbitrariamente a las 25 mejores familias y fueron propuestas para ser eliminadas en un raleo selectivo a las peores 25 familias.

A partir de estos valores de cría, se compararon las familias control con el resto de las familias evaluadas, con el objetivo de caracterizar el potencial genético de las fuentes comerciales actualmente utilizadas.

La estrategia de mejoramiento pretende transformar dicha prueba de progenies en un huerto semillero, por lo tanto se plantea una propuesta de selección de los mejores 5 individuos de las familias que mostraron mediana performance (según los Blup´s para VOL). Para ello, fueron considerados los valores fenotípicos individuales ajustados de la variable volumen, y además que dichos individuos no presentaran ningún tipo de defecto.

La ganancia genética predicha para una característica, se calculó considerando intensidades de selección del orden del 22 %, con $i_{22\%} = 1.35$ (Gimeno *et al.*,2001), intensidad utilizada para seleccionar los mejores árboles del ensayo. Esta ganancia fue expresada en términos porcentuales respecto al promedio de las variables dasométricas de las familias control (fuentes de semilla comercial).

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. CARACTERES DASOMÉTRICOS DEL ENSAYO DE PROGENIES

4.1.1. Estado actual del ensayo -Densidad de plantación-

En este ítem serán presentados los resultados referentes al estado actual en que se encuentra el ensayo de progenies, estado reflejado a través de la densidad actual de plantación.

Como ya fue mencionado, el total teórico inicial de árboles en el ensayo era de 5355, sin embargo debido a las pérdidas de árboles sufridas, el remanente de árboles cuantificados en el ensayo fue de 4025. Dando entonces un 24.8% de fallas, porcentaje que incluye aquellos árboles que fueron descartados por presentar CAP inferiores a los 200 mm, cuantificados en 23 individuos.

Por lo anterior, el valor inicial de densidad de 1111 árb./ha para el ensayo, disminuyó a 835 árb./ha.

El cuadro Nº 3 especifica la información de la densidad actual de árboles en el total del ensayo, como también detalla por bloque y por sitio, el número y porcentaje de fallas. Se consideró para estos cálculos, una densidad teórica original de 595 árboles por bloque.

Cuadro Nº 3

Densidad de árboles y fallas
según bloque, sitio y superficie total del ensayo de progenies.

Bloques	Fallas	Arb./Bloq. (real)	% Fallas/Bloque
I	122	473	20.5
II	138	457	23.2
III	142	453	23.9
IV	110	485	18.5
Subtotal Sitio I-IV	**512**	**1868**	**38.5**
V	187	408	31.4
VI	105	490	17.6
VII	151	444	25.4
VIII	150	445	25.2
IX	225	370	37.8
Subtotal Sitio V-IX	**818**	**2157**	**61.5**
Total	**1330**	**4025**	**24.8**

A partir del cuadro Nº3 se puede observar que el sitio que representa el mayor porcentaje de pérdidas es el que incluye los bloques V-IX (61.5%), además si se advierte el porcentaje de fallas por bloque, este sitio es el que presenta los mayores valores (ejemplo, bloque IX con 37.8%).

4.1.2. Variables dasométricas

Los valores individuales promedios (con los respectivos desvíos estándar), mínimos y máximos para las variables de crecimiento se resumen en el cuadro Nº4.

Cuadro Nº 4

Valores promedio, mínimo y máximo para las variables dasométricas CAP, Ht, DAP, AB, VOL e IMA_{11}.

Variable	Promedio	Mínimo	Máximo
CAP (mm)	635.75 ±127.29	201.00	1123.00
Ht (m)	20.42±3.51	5.10	28.90
DAP (m)	0.20±0.04	0.06	0.36
AB (m^2/arb.)	0.0335±0.0127	0.0032	0.1004
VOL (m^3/arb.)	0.3517±0.1581	0.0103	1.3724
IMA_{11} (m^3/arb/año)	0.0320±0.0144	0.0009	0.1248

El volumen total para las 4.82 ha. del ensayo fue de 1415.56 m^3, lo que representa 293.7 m^3/ha. Si se considera por sitio, los volúmenes calculados fueron de 318.8 m^3/ha y 273.7 m^3/ha, para los sitios I-IV y V-IX respectivamente. El cuadro Nº 5, sintetiza la información de volumen por bloque y el porcentaje de volumen respecto al total.

Cuadro Nº5

Valores absolutos y porcentuales para volumen según bloque y sitio.

Bloques	Volumen (m^3)	% Volumen
I	181.4	12.8
II	173.4	12.2
III	161.5	11.4
IV	165.9	11.7
Subtotal Sitio I-IV	**682.1**	**48.2**
V	162.6	11.5
VI	155.6	11.0
VII	157.8	11.2
VIII	144.1	10.2
IX	113.4	8.0
Subtotal Sitio V-IX	**733.4**	**51.8**
Total	**1415.56**	**100.0**

El siguiente cuadro detalla información de la variable IMA_{11} según bloques, sitios y para el ensayo en general.

Cuadro Nº6

Valores absolutos y porcentuales para IMA_{11} según bloque y sitio.

Bloques	IMA_{11} (m3/año)	% IMA_{11}	IMA_{11} (m3/ha/año)
I	16.5	12.8	30.54
II	15.8	12.2	29.18
III	14.7	11.4	27.18
IV	15.1	11.7	27.93
Subtotal Sitio I-IV	**62.0**	**48.2**	**28.98**
V	14.8	11.5	27.37
VI	14.1	11.0	26.19
VII	14.3	11.2	26.57
VIII	13.1	10.2	24.26
IX	10.3	8.0	19.09
Subtotal Sitio V-IX	**66.7**	**51.8**	**24.88**
Total	**128.7**	**100.0**	**26.70**

El sitio que presentó mejores rendimientos fue el I-IV con 28.98 m^3/ha/año, superando al IMA_{11} de ensayo (26.7 m^3/ha/año); mientras que el sitio V-IX mostró un IMA_{11} inferior al valor del ensayo.

Si se considera a los bloques por separado, el bloque I mostró el mejor crecimiento medio anual constituyendo un 12.8% del IMA_{11} registrado en el ensayo. Por otro lado, el bloque IX fue el que peor se comportó en términos porcentuales y absolutos de IMA_{11}.

A juzgar por los datos, se puede decir que el ensayo presenta buenos rendimientos, teniendo en cuenta el ambiente en el cual fue instalado pues, según De Mello *et al.* (2002), los mayores crecimientos se obtienen en la zona 7 de los suelos CONEAT. Además, hay que considerar que el suelo 8.5 tiene la limitante de presentar un horizonte Bt muy desarrollado que condiciona negativamente el desarrollo del árbol.

4.2. ANÁLISIS ESTADÍSTICO

A continuación, en los siguientes cuadros serán expuestos los resultados del análisis estadístico, para las variables de crecimiento, por el método REML, del programa SAS.

Cuadro Nº7

Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable ALTURA (m)

Parámetros de Covarianza	Estimador	Error estándar	Prob. Z	IC (α = 0.05)	
				Li	Ls
Blo	1.7330	0.8886	0.0256	0.7782	6.6472
Fam	0.2458	0.1111	0.0135	0.1192	0.7688
Blo*Fam	2.9976	0.2478	<.0001	2.5656	3.5494
Residual	7.7012	0.2003	<.0001	7.3232	8.1093

El intercepto calculado para la variable ALTURA fue de 20.3148m ±0.4467.

Cuadro Nº8

Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable DAP(m)

Parámetros de Covarianza	Estimador	Error estándar	Prob. Z	IC (α = 0.05)	
				Li	Ls
Blo	0.000023	0.000014	0.045	9.43E-06	0.000117
Fam	0.000059	0.000015	<.0001	0.000038	0.000105
Blo*Fam	0.000089	0.000025	0.0002	0.000055	0.00017
Residual	0.001476	0.000039	<.0001	0.001403	0.001555

El intercepto calculado para la variable DAP fue de 0.2026m ±0.001876.

Cuadro Nº9

Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable VOLUMEN(m^3)

Parámetros de Covarianza	Estimador	Error estándar	Prob. Z	IC (α = 0.05)	
				Li	Ls
Blo	0.000908	0.00049	0.0319	3.95E-04	0.003831
Fam	0.001014	0.000255	<.0001	0.000654	0.001781
Blo*Fam	0.002399	0.000408	<.0001	0.001764	0.003451
Residual	0.02086	0.000544	<.0001	0.01984	0.02197

El intercepto calculado para la variable VOL fue de 0.3518 m^3 ±0.01082.

Cuadro Nº10

Estimadores de los parámetros de Covarianza para la variable IMA_{11}(m^3/año)

Parámetros de Covarianza	Estimador	Error estándar	Prob. Z	IC (α = 0.05)	
				Li	Ls
Blo	7.51E-06	4.05E-06	0.0319	3.26E-06	0.000032
Fam	8.38E-06	2.11E-06	<.0001	5.40E-06	0.000015
Blo*Fam	0.00002	3.37E-06	<.0001	0.000015	0.000029
Residual	0.000172	4.49E-06	<.0001	0.000164	0.000182

El intercepto calculado para la variable IMA_{11} fue de 0.03198m^3/año ±0.000984.

Dentro de la información que aportan los cuadros figura el intervalo de confianza (IC). Este valor significa que los estimadores de los parámetros de covarianza se encuentran, con un 95% de confianza, dentro de un límite inferior (Li) y límite superior (Ls). En dicho rango, se encuentra el valor real del parámetro de covarianza, con una probabilidad z.

El intercepto calculado para las variables, fue considerado como el mejor estimador de la media poblacional.

4.3. ANÁLISIS GENÉTICO

4.3.1. Estimadores de varianzas

A partir de los estimadores de covarianzas, las varianzas fenotípicas, ambientales y genéticas estimadas, para realizar el análisis genético, fueron:

Cuadro Nº11

Estimadores de las Varianzas para las variables de crecimiento

Varianzas Estimadas	Altura (m)	DAP (m)	VOL (m^3)	IMA_{11} (m^3/año)
σ^2_f	0.2458	0.000059	0.001014	8.38E-06
σ^2_{bf}	2.9976	0.000089	0.002399	0.00002
σ^2_e	7.7012	0.001476	0.02086	0.000172
σ^2_P	10.9446	0.001624	0.024273	0.000200377

A partir de los datos de estimadores de varianzas y la figura adjunta, se observa la importancia relativa del error (error muestral) sobre la varianza fenotípica, principalmente en la variable DAP (que supera el 90%).

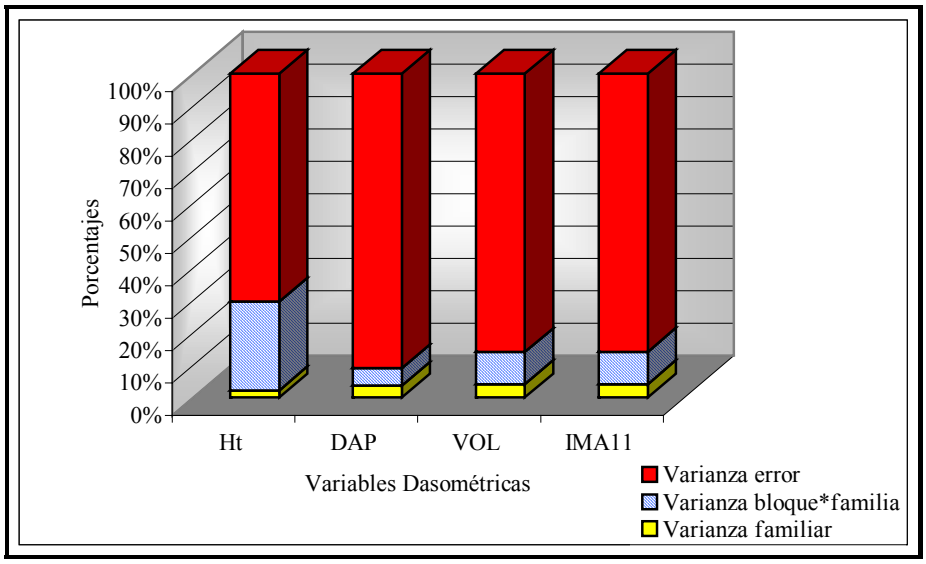


Figura Nº 2. Aporte porcentual de los estimadores de varianzas al total de la varianza fenotípica para las variables dasométricas.

Así mismo, la varianza debida a la interacción bloque x familia en la variable altura es de importante magnitud (27.4%). Estos valores de varianzas de la interacción se corresponden con el error de la parcela (también conocido error experimental).

En teoría, es de esperar que, el error experimental (interacción) sea mayor que el error de muestreo. En este caso, se da lo contrario, por lo que la variación entre unidades experimentales es menor que la variación entre sub-muestras de la misma unidad. Esto puede ser consecuencia del gran tamaño de los bloques, lo que genera que existan grandes diferencias microambientales dentro de cada bloque. Según Balmelli *et al.* (2002), se obtuvieron mayores valores de los parámetros genéticos en la 2ª generación de selección, cuando se utilizó el diseño experimental con parcelas de árbol único, que posibilitó controlar mejor el ambiente.

Cabe destacar la baja contribución de la varianza familiar sobre la varianza fenotípica, la cual representó como máximo un aporte del orden cercano al 5%.

4.3.2. Heredabilidad

Las estimaciones de heredabilidades familiar e individual y sus respectivos errores estándar, para cada variable dasométrica, se presentan en el cuadro Nº 12. Para apreciar gráficamente dichos valores, se adjunta la figura Nº 3.

Cuadro Nº12

Heredabilidades familiar e individual para las variables de crecimiento

Heredabilidad	Altura	DAP	VOL	IMA_{11}
h^2_f	0.297 ± 0.032	0.506 ± 0.024	0.519 ± 0.028	0.518 ± 0.028
h^2_i	0.056 ± 0.025	0.091 ± 0.023	0.104 ± 0.026	0.105 ± 0.026

Los valores de heredabilidades familiar e individual no variaron mucho entre las variables DAP, VOL e IMA_{11}, en cambio la variable altura presentó los valores más bajos. Heredabilidades familiares mostraron un moderado a alto control genético, mientras que los valores de heredabilidad individual sugieren un bajo control genético de las variables de crecimiento, confirmando la bibliografía consultada.

Por otro lado, hay que considerar que estos bajos valores de heredabilidad individual, pueden no sólo ser consecuencia de un bajo control genético, sino que también pueden estar influidos por la gran variación del micrositio (variaciones dentro de las parcelas), producto del gran tamaño del bloque. Esa baja heredabilidad, podría indicar que existiera mayor variabilidad entre árboles y no tanto entre parcelas, que hace diferentes a árboles vecinos debido a que tienen características individuales (por el microambiente como también del genotipo). Cabe recordar, que el período de replantación de fallas fue realizado fuera de tiempo, lo que podría haber condicionado un efecto de dominancia entre árboles grandes, sobre aquellos que no estaban en iguales condiciones de competencia, contribuyendo esto a una mayor variación individual.

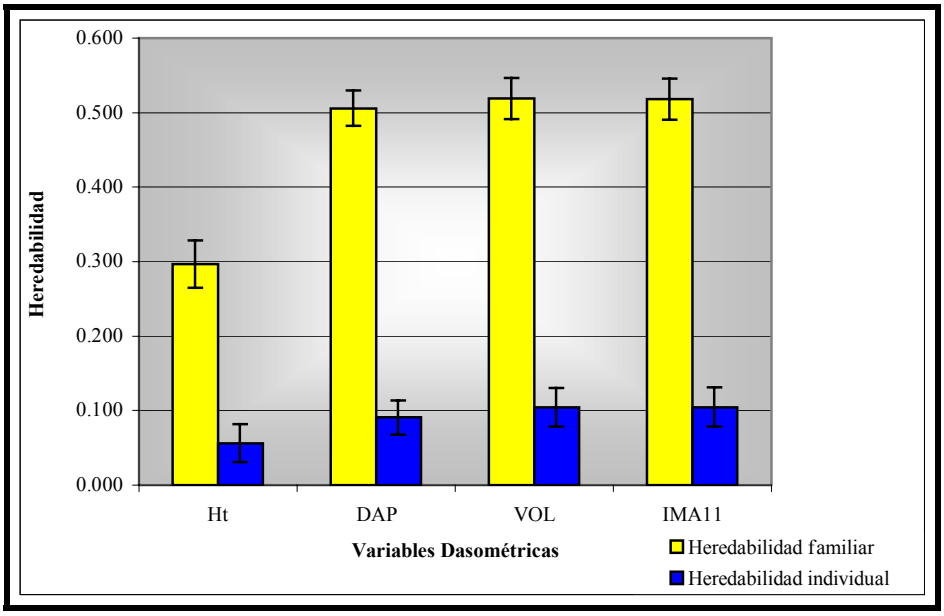


Figura Nº 3. Heredabilidades familiar e individual para las variables dasométricas.

4.3.3. Valor de Cría

Los valores genéticos, para las variables ALTURA, DAP y VOL, fueron estimados a través de los BLUP´s, y permitieron realizar un ranking de las 25 mejores y peores familias (Anexo Nº 18 y Nº 19).

Los valores de cría negativos fueron considerados para las familias de inferior performance respecto al intercepto (media general). Por su parte, valores positivos fueron atribuidos a las medianas y mejores familias.

En la figura Nº 4, se observa para la variable volumen la distribución de los valores de cría familiares, según el número de las observaciones (individuos) cuantificadas dentro de cada categoría. En la misma figura se muestra la posición relativa de la familia nº 97, primera en el ranking, para dicha variable. De aquí en adelante, la discusión se centrará en función de los valores para la variable volumen.

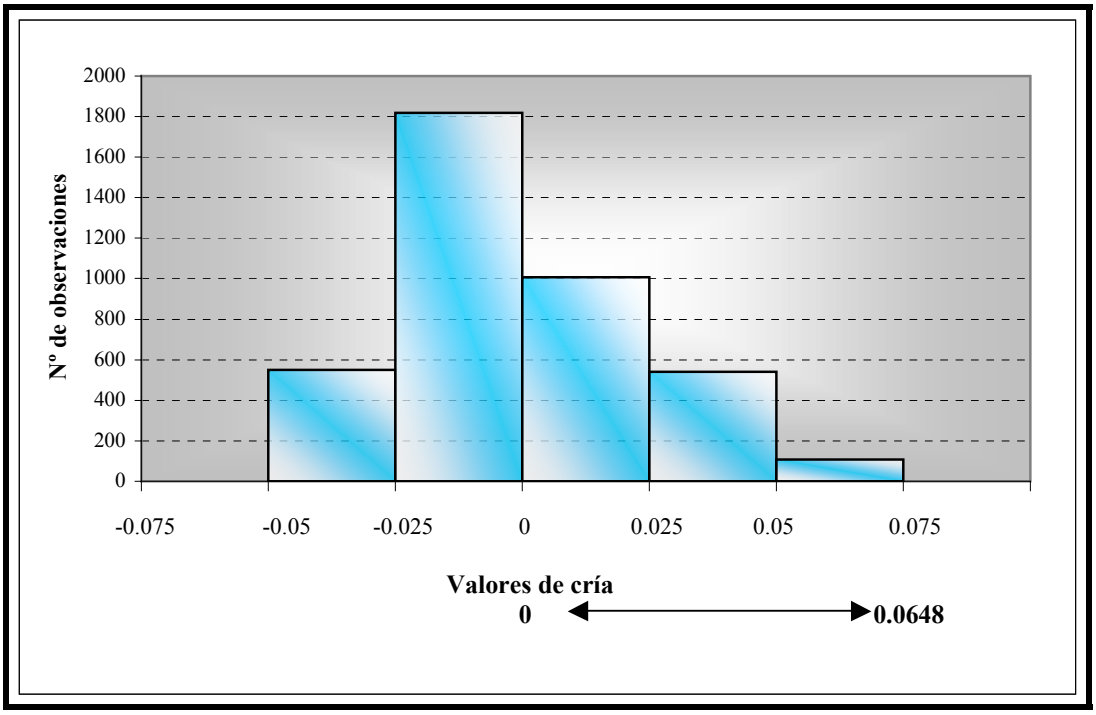


Figura Nº 4. Distribución de los valores genéticos familiares para VOLUMEN (m^3), según número de observaciones, y posición relativa de la mejor familia.

A continuación se presenta, en el cuadro Nº 13, el ranking de los valores de cría (VC) para las 25 mejores y 24 familias de mediana performance (con Blup´s positivos) para la variable VOL.

Cuadro Nº 13

Ranking de las 25 mejores familias y de las 24 familias de mediana performance

Ranking	Familia	VC (VOL m^3)	Ranking	Familia	VC (VOL m^3)
1ª (mejor)	97	0.0648	**26ª**	35	0.0181
2ª	79	0.0555	**27ª**	99	0.0177
3ª	2	0.0501	**28ª**	69	0.0177
4ª	7	0.0489	**29ª**	27	0.0176
5ª	98	0.0447	**30ª**	43	0.0176
6ª	19	0.0422	**31ª**	90	0.0162
7ª	54	0.0415	**32ª**	67	0.0148
8ª	33	0.0405	**33ª**	101	0.0147
9ª	61	0.0402	**34ª**	107	0.0146
10ª	10	0.0376	**35ª**	12	0.0135
11ª	14	0.0348	**36ª**	60	0.0130
12ª	74	0.0341	**37ª**	87	0.0112
13ª	31	0.0335	**38ª**	72	0.0103
14ª	1	0.0329	**39ª**	92	0.0091
15ª	6	0.0328	**40ª**	20	0.0069
16ª	58*	0.0322	**41ª**	76	0.0064
17ª	5	0.0303	**42ª**	39	0.0059
18ª	75*	0.0288	**43ª**	106	0.0057
19ª	82	0.0252	**44ª**	21	0.0051
20ª	73	0.0233	**45ª**	17	0.0045
21ª	8	0.0223	**46ª**	37	0.0043
22ª	47	0.0203	**47ª**	93	0.0042
23ª	4	0.0197	**48ª**	94	0.0036
24ª	78	0.0191	**49ª**	36	0.0020
25ª	85	0.0183			

* Fuentes comerciales

Si se consideran las fuentes de semilla comercial, y si se analizan sus valores de cría se observa en el cuadro Nº 14 que, la familia nº 58 es la mejor, mientras que la familia nº 121 presenta el valor más bajo de valor cría. Esto quiere decir, que la familia nº 121 se comportará -0.02515 m^3 por debajo de la media poblacional para la variable volumen. El dato de error estándar presentado conjuntamente con los valores de cría, aporta la medida de precisión con que dicha valoración se ha conseguido.

Únicamente dos familias de las fuentes comerciales se encuentran en condiciones de exhibir buenos potenciales genéticos, ubicándose ambas (nº 58 y nº 75) dentro de las mejores 25 familias. Sin embargo, las otras fuentes comerciales presentan bajos valores de cría que determinan un mal ranking de las mismas si se las compara con el resto de las familias del ensayo.

Cuadro Nº 14
Valores de Cría para las Fuentes comerciales de Semilla.

Familia	VC (VOL m^3)	Error Estándar
58	0.03222	0.02357
75	0.02882	0.02174
57	-0.00062	0.02152
30	-0.01538	0.02100
77	-0.02290	0.02164
121	-0.02515	0.02387

Basándose en la estrategia de mejoramiento que realiza el INIA, y a partir de la información obtenida del ranking familiar, se expondrá una propuesta de conversión de la prueba de progenies en un huerto semillero, para demostrar la utilidad de trabajar con rankings genéticos.

Antes de detallar la propuesta, es necesario mencionar que también fueron seleccionados los 5 mejores individuos dentro de cada familia de mediana performance. Para ello, se estimaron sus valores fenotípicos ajustados para el volumen y se consideró además que dichos individuos no presentaran ningún tipo de defectos, sea bifurcación, sinuosidad, entre otros, por lo que tuvieron que descartarse individuos que a pesar de presentar los mejores valores fenotípicos, por su condición de árboles defectuosos no fueron seleccionados. El total de árboles seleccionados fue de 120, para las 24 familias.

Es importante recalcar que dicho ranking individual (Anexo Nº 20), no deja de ser un ranking fenotípico, pues los valores ajustados son una combinación de efectos genéticos propios de cada árbol y efectos ambientales.

Se sugiere pues, ralear totalmente a las 25 peores familias del ranking, representando un 19.8 % de la población (799 árboles). Simultáneamente, se ralean todos los individuos de las familias de baja performance, aquellas con valores de cría negativos (1572 individuos). Se ralean también los árboles remanentes de las familias de media performance, y además aquellos individuos de las mejores 25 familias que presentan defectos (686 y 102 árboles, respectivamente).

Según la aplicación de este raleo selectivo, quedarían en pie las familias con mejor potencial genético y aquellos individuos que muestran los mejores valores fenotípicos. Esto se traduce en una densidad final de 180 árboles por ha. Con esta reducción de la densidad de plantación se pretende promover una abundante floración y cosechar la semilla de los mejores árboles.

4.3.4. Ganancia genética

La ganancia genética asociada a la estrategia de selección anteriormente propuesta se presenta, en el cuadro Nº 15, en términos absolutos y relativos. La ganancia relativa fue estimada teniendo en cuenta el promedio de las variables dasométricas de las familias control (Anexo Nº21). Fue considerada una intensidad de selección de 22%, porcentaje aproximado de individuos seleccionados para establecer el huerto semillero.

Cuadro Nº 15

Ganancia genética en términos absolutos y relativos para las variables dasométricas.

Variables	$G_{i=1.35}$	G%
Altura (m)	0.2508	1.23
DAP (m)	0.0049	2.46
VOL (m^3)	0.02197	6.33
IMA_{11}(m^3/año)	0.00200	6.33

Es de esperar bajas ganancias considerando que las heredabilidades individuales de las variables fueron bajas. Como se observa en el cuadro, las variables VOL e IMA_{11} registraron las mayores ganancias en términos porcentuales, es decir, la población seleccionada manifestaría un 6.33% de superioridad respecto a las familias control. Una forma de mejorar dichos valores sería manipulando los otros dos componentes de la fórmula de ganancia genética, intensidad de selección y varianza fenotípica.

4.4. DEFECTOS

Fueron cuantificadas 75 familias con defectos (63% del total). Sin embargo, la ocurrencia de los mismos no tuvo gran variación como para considerarla efecto genético, por lo que parece indicar que fueron una consecuencia ambiental.

A continuación se detallará la información obtenida para cada defecto en particular.

4.4.1. Sinuosidad del fuste

La sinuosidad del fuste se observó en 151 árboles del ensayo, siendo un 3.8% del total de individuos. El número máximo registrado fue de 4 individuos sinuosos por familia, representando para cada familia entre un 10 a 12.5 % de árboles sinuosos (Anexo 22).

El cuadro Nº 16, resume los registros de árboles sinuosos, según bloque y sitio del ensayo de progenies. Se observa una marcada tendencia ambiental entre sitios, donde el sitio I-IV presenta la mayor incidencia de este defecto.

Cuadro Nº 16

Frecuencia absoluta y relativa de árboles sinuosos, según bloque y sitio del ensayo

Bloques	Frecuencia absoluta (nº individuos)	Frecuencia relativa (%)
I	53	35.1
II	32	21.2
III	13	8.6
IV	10	6.6
Subtotal Sitio I-IV	**108**	**71.5**
V	14	9.3
VI	9	6.0
VII	6	4.0
VIII	8	5.3
IX	6	4.0
Subtotal Sitio V-IX	**43**	**28.5**
Total	151	100.0

4.4.2. Árboles quebrados

La quebradura del fuste se registró en 139 árboles del ensayo, representando un 3.45% del total de individuos. Para cuantificar este defecto fueron considerados individuos con quebraduras totales en el fuste (considerada altura total) y árboles con quebraduras a diferentes alturas del fuste, pero con rebrotes (considerándose altura a la quebradura y altura total). Se reconoció para esta última categoría un 11.5 % de árboles.

El número máximo de individuos por familia con este defecto fue de 6, presentándose en las familias nº 47 y nº 50, con 15.4 y 16.2 % de ocurrencia respectivamente.

El siguiente cuadro muestra, según bloque y sitio del ensayo de progenies, la frecuencia de quebradura. Se observa, a diferencia del caso anterior, una mayor ocurrencia de defectos en el sitio V-IX.

Cuadro Nº 17

Frecuencia absoluta y relativa de árboles quebrados, según bloque y sitio del ensayo

Bloques	Frecuencia absoluta (nº individuos)	Frecuencia relativa (%)
I	10	7.2
II	11	7.9
III	12	8.6
IV	8	5.8
Subtotal Sitio I-IV	**41**	**29.5**
V	6	4.3
VI	25	18.0
VII	11	7.9
VIII	25	18.0
IX	31	22.3
Subtotal Sitio V-IX	**98**	**70.5**
Total	139	100

4.4.3. Rebrotes en el fuste

Este parámetro considerado como defecto, es mas bien una respuesta del árbol frente al estrés. La ocurrencia del mismo fue muchas veces acompañada por rajaduras en el fuste, exudaciones en la corteza y quebraduras del mismo. Se supone fue consecuencia del efecto ambiental de sequía.

Fueron cuantificados en total 141 individuos (3.5% del total), con un número máximo por familia de 6 (familia nº 46, con 20% de ocurrencia). El sitio I-IV mostró mayor ocurrencia, con un 62.4% del total de individuos (Cuadro Nº 18).

Cuadro Nº 18

Frecuencia absoluta y relativa de árboles con rebrote en el fuste, según bloque y sitio del ensayo

Bloques	Frecuencia absoluta (nº individuos)	Frecuencia relativa (%)
I	18	12.8
II	28	19.9
III	21	14.9
IV	21	14.9
Subtotal Sitio I-IV	**88**	**62.4**
V	0	0.0
VI	10	7.1
VII	21	14.9
VIII	7	5.0
IX	15	10.6
Subtotal Sitio V-IX	**53**	**37.6**
Total	141	100.0

4.4.4. Otros Defectos

Otros defectos observados en el ensayo se resumen en el cuadro Nº 19. Según su porcentaje de ocurrencia, son defectos de menor importancia si se los compara con los defectos anteriores.

Cuadro Nº 19

Frecuencia absoluta y relativa de árboles con otros defectos.

Defectos	Frecuencia Absoluta (nº árboles)	Frecuencia relativa (%)
Árboles Dominados	109	2.71
Árboles secos en pie	34	0.84
Árboles bifurcados	47	1.2
Rebrotes	23	0.57

Se supone que la presencia de árboles dominados, es consecuencia de la competencia entre árboles debido al período de reposición efectuado fuera de tiempo.

Por otro lado, árboles en pie secos, bifurcados y rebrotes de pequeños diámetros, parecen ser el resultado del estrés ambiental al cual fue sometido el ensayo (principalmente heladas y sequía).

5. CONCLUSIONES

El volumen cuantificado para el ensayo fue de 293.7 m^3/ha. Considerando a los sitios por separado, los volúmenes calculados fueron de 318.8 m^3/ha y 273.7 m^3/ha, para los sitios I-IV y V-IX respectivamente. El crecimiento volumétrico anual evaluado a los 11 años de edad fue de 128.69 m^3, representando buenos rendimientos del orden de 26.7 m^3/ha/año.

El análisis de los parámetros genéticos reveló bajos valores de heredabilidad individual para las variables de crecimiento, siendo la variable altura la que presentó los menores valores de h^2_i (0.056 ± 0.025), mientras que la variable IMA_{11} mostró un mayor control genético, con una h^2_i de 0.105 ± 0.026. Las heredabilidades familiar e individual no variaron mucho entre las variables DAP, VOL e IMA_{11}; registrándose mayores valores de heredabilidad familiar, como era de esperar.

El bajo control genético que mostró el análisis hace suponer que existe una importante contribución de los componentes ambiental e individual sobre la varianza fenotípica, tal vez, como consecuencia del gran tamaño de los bloques que este ensayo presentó. Al mismo tiempo, es necesario considerar que el gran peso relativo de la varianza muestral, puede ser consecuencia de un efecto de competencia aún presente a los 11 años de evaluación el ensayo. Efecto que acentúa las diferencias principalmente entre árboles vecinos.

Para establecer la variabilidad del crecimiento entre las familias y árboles individuales, se utilizaron como parámetros de referencia al valor de cría de las familias, y los valores individuales fenotípicos ajustados, para las variables de crecimiento. Estos datos permitieron revelar las familias que manifestaron el mejor y peor crecimiento, en términos de su potencial genético. Siendo la mejor familia la nº 97 con un valor de cría para volumen de 0.0648 m^3; mientras que la peor familia fue la nº 64 con un valor de cría -0.0392 m^3, para la misma variable de crecimiento.

Solamente dos de las fuentes de semilla comercial, familias nº 58 y nº 75 (familias consideradas control en el ensayo), presentaron buenos potenciales genéticos. Sin embargo, en las otras fuentes comerciales se observó un mal ranking de las mismas, respecto al resto de las familias evaluadas.

El ranking hecho considerando a las mejores y medianas familias, con sus respectivos mejores individuos, permitió formular una estrategia de selección con el fin de convertir la prueba de progenies en un huerto semillero. Dicha estrategia, permitiría obtener una ganancia genética para la variable volumen del orden de un 6.33 %.

Con el fin de seleccionar a los genotipos superiores, fueron identificados los defectos presentes en el ensayo y el porcentaje de ocurrencia de los mismos. Un 63% de las familias presentó algún tipo de defecto, no obstante, la ocurrencia de éstos no mostró gran variación, por lo que se supone fue consecuencia de efectos ambientales adversos. Dentro de los defectos considerados de mayor importancia relativa figuran sinuosidad y quebradura del fuste.

6. RESUMEN

El presente trabajo se refiere a un Ensayo de Progenies de *Eucalyptus grandis* de 11 años de edad, instalado en la Estación Experimental Bañado de Medina. Este ensayo fue diseñado con el fin de comparar las características de los padres seleccionados, de varias fuentes utilizadas en el país, a través de la evaluación de sus progenies. Se evaluaron el crecimiento volumétrico del ensayo y la variabilidad del crecimiento entre las familias y árboles individuales que conforman el ensayo. También fueron analizados los parámetros genéticos para las variables de crecimiento DAP, ALTURA, VOLUMEN e IMA_{11}; y fueron identificados los defectos entre familias y árboles individuales. El ensayo fue realizado para 119 familias (con 6 fuentes de semilla comercial), bajo un DBCA el cual contaba con 9 bloques y 5 individuos por familia/ bloque. El modelo lineal asociado a este ensayo para una característica fue $Y_{ijk} = \mu + B_i + F_j + FB_{ij} + e_{ijk}$. El análisis estadístico del modelo mixto, fue realizado por el paquete estadístico SAS versión 8.2, a través del método REML. A partir del análisis de los componentes de varianzas se vio que, para los estimadores de la varianza familiar, los valores fueron bajos; lo que sería atribuible al gran tamaño de bloque con que se trabajó. Por su parte, los estimadores de las varianzas de la interacción y del error muestral, presentaron una gran importancia relativa respecto a la varianza fenotípica. El crecimiento del ensayo fue de 293.7 m^3/ha; con un incremento medio anual de 26.7 m^3/ha/año a los 11 años de edad. Los resultados de heredabilidad individual variaron desde 0.056 hasta 0.105, siendo la variable IMA_{11} la que presentó el valor más alto. En general, todas las variables mostraron un bajo control genético. El Valor de Cría de las familias fue considerado para establecer un ranking de las mejores y peores familias, dando como mejor familia la nº 97 y la peor la nº 64, para la variable volumen. Sólo dos de las fuentes de semilla comercial, nº 58 y nº 75, manifestaron buenos potenciales genéticos. La ganancia genética en términos porcentuales varió desde 1.23 % hasta 6.33 % para una i= de 22 % (valor de selección propuesto para convertir la prueba de progenies en huerto semillero). Las observaciones registradas para cada carácter cualitativo (defectos) por carecer de suficiente variación, no permitieron realizar ningún análisis estadístico, por lo que estos caracteres se evaluaron en términos porcentuales. Fueron identificadas 75 familias con defectos, siendo sinuosidad y quebradura del fuste los que presentaron mayor ocurrencia. El defecto rebrote en tronco, si bien se lo incluyó dentro de la categoría defecto, es en sí una respuesta a algún tipo de estrés ambiental.

Palabras Clave: Ensayo de Progenies, *Eucalyptus grandis*, parámetros de crecimiento, parámetros genéticos, defectos.

7. SUMMARY

The present study is about an 11 year old *Eucalyptus grandis* Progeny Test, planted in the Bañado de Medina Experimental Station. This trial was designed with the main goal of comparing the traits of selected trees from different sources from all over the country, by testing their off-spring. Both volumetric growth of the trial and its variability between families and individuals were evaluated. Genetics parameters for growth variables such as DAP, HEIGTH, VOLUME and MAI were also analyzed; and defects between families and individuals were identified. The test was established for 119 families (with 6 sources of commercial seed) in a RCBD, with 9 repetitions and 5 individuals per family/repetition. The linear model associated to this trial for any trait was: $Y_{ijk} = \mu + B_i + F_j + FB_{ij} + e_{ijk}$. The statistical analysis of the mixed model was carried out by the SAS 8.2 system, with the REML method. The variance components analysis showed, low values for the family estimate; which could be related to the large repetition size in the test. On the other hand, regarding the phenotypic variance, the estimated variance of interaction and sample error were relatively important. The trials growth was of 293.7 m^3/ha; with a mean annual increment of 26.7 m^3/ha/year at 11 year old. The individual heritabilities were between 0.056 to 0.105, being the IMA variable the one with the highest value. General low genetic control was evidenced for the all variables. The family breeding value was considered to rank the families, showing the nº 97 family as the best and the nº 64 family as the worst in terms of volume. Only two of the sources of commercial seed, nº 58 and nº 75, showed high genetic potential. The genetic gain ranged for 1.23% to 6.33%, with i= 22% (selection value proposed to transform the progeny test in a seed orchard). The qualitative observations (defects), because of the lack of variation, did not allow to perform any statistical analysis, so these traits were evaluated in percentage terms. 75 families were identified with defects, where stem sinuosity and breakage were the most frequent. The stem shoot, even though it was considered a defect, is in fact a response to some kind of environmental stress.

Key words: Progeny tests, *Eucalyptus grandis*, growth parameters, genetic parameters, defects.

8. BIBLIOGRAFÍA

ALVEAR, C; GUTIÉRREZ, B. 1995. Crecimiento hasta los 42-44 meses de edad y estimación de parámetros genéticos de 23 procedencias y 196 familias de *Eucalyptus camaldulensis* Denh. en cuatro sitios de la zona central de Chile. Ciencia e Investigación Forestal. Instituto Forestal. 9 (1).7- 46 pp.

BALMELLI, G.; ROCKWOOD, D. 1997. Genetic variation for frost tolerance in a uruguayan bas population of *Eucalyptus grandis*. In Anais da Conferência IUFRO sobre Silvicultura e Melhoramento de Eucaliptos. Salvador, Brazil. 24 – 29 August, 1997. V1: Estratégias de melhoramento genético. 227-232 pp.

_____. 2001. Estimación de parámetros genéticos para características de crecimiento de *Eucalyptus grandis*: algunas implicaciones para el mejoramiento genético y para la producción de semilla comercial. INIA. Serie técnica Nº 121. 10 p.

_____; KUBOTA, M. 2002a. Estimación de parámetros genéticos en la segunda generación de *Eucalyptus grandis* y su utilización para el manejo de una población multipropósito. Serie Aftercare Forestal INIA-JICA. Nº 4. 11 p.

_____; RESQUIN, F.; TRUJILLO, I. 2002b. Estimación de parámetros genéticos para características de crecimiento y productividad en *Eucalyptus globulus ssp globulus* en Uruguay . Serie Aftercare Forestal INIA-JICA. Nº 5.13 p.

BENNADJI, Z.; TRUJILLO, I.; RESQUIN, F.; METHOL, R. 1997. Estrategia de transformación de una población genética de *Eucalyptus grandis* en huerto semillero. Estudio de caso en Uruguay. In Anais da Conferência IUFRO sobre Silvicultura e Melhoramento de Eucaliptos. Salvador, Brazil. 24 –29 August, 1997. V1: Estratégias de melhoramento genético. 170-175 pp.

BURGESS, I.P. 1980. The natural occurrence of Eucalyptus grandis, its distribution patterns in natural forest, its characteristics and conservation. CSIRO Division of Forest Research. Canberra, ACT 2600, Australia.11p.

BRUSSA, C A. 1994."Eucalyptus". Montevideo –Uruguay. Ed. Hemisferio Sur. 325 p.

DALLA-TEA, F.; MARCÓ, M. 1994. El cultivo del eucalipto en la Mesopotamia argentina. In Los Eucalyptus en el desarrollo forestal de Chile. Barros, S; Prado, J; Alvear, C. (eds.). 1993. Pucón- Chile. 24-26 Noviembre 1993. 475- 484pp.

DARROW, W.K.1995. Selection of eucalypt species for cold and dry areas in South Africa. In Eucalypt plantations: Improving Fibre, Yield and Quality. (CRCTHF-IUFRO. Conference: Hobart, Australia. 19-24 February 1995). Hobart, Australia. 336-338 pp

DE MELLO, J.C.; BALMELLI, G.; BENNADJI, Z.; GARCIA, R.; UETSUKI, Y.; MARUYAMA, T. 2002. Metodología para la selección de árboles plus de *Eucalyptus grandis* por crecimiento, forma y características de la madera. Serie Aftercare Forestal INIA-JICA. Nº 2. 13 p.

EHRENBERG, C. 1970. Breeding for stem quality. UNASYLVA. FAO.FIAT.PANIS. 24 (2 –3). Nº 97-98. 23-31 pp.

FALCONER, D.S. 1989.Introduction to Quantitative Genetics. England. 3ª ed. Ed. Logman Scientific & Technical. 438p.

FAO. 1980. Mejora Genética de Árboles Forestales. Roma.341p. (Estudio FAO: Montes 20).

GIMENO, D; VAZQUEZ, A.I.; URIOSTE, J.; NEGRÍN, D.; PELUFFO, M.; RIVERO, J.; ZABALLA, J. 2001.Manual de practicas. Montevideo. Facultad de Agronomía. Departamento de producción animal y pasturas. 90 p.

GUOXIANG, W.; YANG, M.1995.Variation in wind damage among clonal eucalypt plantations. In Eucalypt plantations: Improving Fibre, Yield and Quality. (CRCTHF-IUFRO. Conference: Hobart, Australia. 19-24 February 1995). Hobart, Australia. 368-370 pp.

HIGA, R.C.V; HIGA, A.R.; TREVISAN, R.; SOUZA M.V.R. 1997. Comportamento de vinte espécies de *Eucalyptus* em área de ocorrência de geadas na regiao Sul do Brasil. In Anais da Conferência IUFRO sobre Silvicultura e Melhoramento de Eucaliptos. Salvador, Brazil. 24 –29 August, 1997. V1: Estratégias de melhoramento genético. 106-110 pp.

IPINZA, C. 1997. Mejora genética de especies de Nothofagus de interés económico. Principios básicos. Ciencia e Investigación Forestal. Instituto Forestal. 11 (1,2). 5-27 pp.

LOPEZ, G.; TRAVERSO, J.R.; ESPARRACH, C.; GALETTI, M. 1997. Análisis preliminar de 250 progenies de ***E. globulus ssp globulus*** en dos localidades de la Provincia de Buenos Aires, Argentina. In Anais da Conferência IUFRO sobre Silvicultura e Melhoramento de Eucaliptos. Salvador, Brazil. 24 –29 August, 1997. V1: Estratégias de melhoramento genético. 77-82 pp.

MATHESON, A.C. 1978. Progeny test. In International Training course in Forest Tree Breeding. Australian Development Assistance Agency. 113-119 pp.

MESKIMEN, G.; FRANCIS, J.K. 1990. Eucalyptus grandis Hill ex Maiden. Rose gum eucalyptus. In Burns, Russell M.; Honkala, Barbara H.eds. Silvics of North America: 2. Hardwoods. Agric. Handb. 654. Washington, DC: U.S. Department of Agriculture, Forest Service: 305-312 pp.

PARRA, P.S.; CANALA-ECHEVERRÍA, J.L.V. 1994. Resistencia al frío de procedencias y familias de *Eucalyptus nitens* en Aysen, XI Región, Chile. In Los Eucalyptus en el desarrollo forestal de Chile. Barros, S; Prado, J; Alvear, C. (eds.). 1993. Pucón- Chile. 24-26 Noviembre 1993. 389- 407pp.

ROLANDO, L ; SAYAGUÉS, L. 1983. Evaluación de progenies de individuos de distintos orígenes de Pinus taeda L. Tesis Ing. Agr. Facultad de Agronomía. Montevideo, Uruguay. 121p.

SAENZ-ROMERO, C.; NORDHEIM, E.V.; GURIES,R.P.; CRUMP, P.M. 2001. A case study of a provenance/progeny test using trend analysis with correlated errors and SAS proc mixed. Silvae Genetica 50 (3-4). 127-135 pp.

SAS Institute. SAS/STAT. Getting Started with SAS. 8.2th edition. SAS Institute, Inc. Cary, USA.

SNEDDEN, C.L.; VERRYN,S.D.; ROUX,C.Z. 2001. Broad- and narrow sense heritabilities in a cloned open pollinated *Eucalyptus grandis* breeding population. In Forest Genetics for the Next Millennium.Tropical Species

Breeding and Genetics Resources. (IUFRO. 2000. International Conference Centre: Durban, South Africa). Durban, South Africa. 214-220 pp.

STEEL, R ; TORRIE, J. 1988. Bioestadística: Principios y procedimientos. México. 2ª edición. Mc Graw-Hill. 622p.

STERN, K. 1964. Genética de poblaciones como base de selección. Revista de Silvicultura y Productos Forestales. UNASYLVA. 18 (2 –3). Nº 73-74. 21-29 pp.

URUGUAY. 2003. MINISTERIO DE GANADERÍA AGRICULTURA Y PESCA. Boletín Estadístico. Dirección General Forestal. Año 4. Nº 3. Octubre 2003. Montevideo.

_____. 2004. DIRECCIÓN NACIONAL DE SUELOS. CONEAT. Clasificación de Suelos CONEAT. http://www.prenader.gub.uy/coneat

VAN WYK, G.1990. Genetic improvement of timber yield and wood quality in *Eucalyptus grandis* (Hill) Maiden. Southern African Forestry Journal. Nº 153, June. 1-11 pp.

VERRYN, S.D. 2002. Harvesting genetics for productive plantations. Southern African Forestry Journal. Nº 195, October. 83-87 pp.

WANG, G.; YANG, M. 1996. Traits for indirect selection of wind-firmness in *E. grandis*, *E. urophylla* and hybrid clones. In Tree Improvement for Sustainable Tropical Forestry. Dieters,M.J., Matheson,A.C., Nikles, D.G, Harwood, C.E. and Walker, S.M. (eds.). 1996. Proc. QFRI-IUFRO Conf., Caloundra, Queensland, Australia.27 October-1 November 1996. 173-177 pp.

WEI, X.; BORRALHO, N.M.G.1995. Genetic parameters for growth traits in four-year-old *Eucalyptus urophylla* progeny trial. In Eucalypt plantations: Improving Fibre Yield, and Quality. (CRCTHF-IUFRO. Conference: Hobart, Australia. 19-24 February 1995). Hobart, Australia. 252-253 pp.

WHITE, T; ROCKWOOD, D.L. 1994. A breeding strategy for minor species of eucalyptus. In Los Eucalyptus en el desarrollo forestal de Chile. Barros, S; Prado, J; Alvear, C. (eds.). 1993. Pucón- Chile. 24-26 Noviembre 1993. 28-41pp.

_____ .1996.Genetic parameter estimates and breeding value predictions: issues and implications in the tree improvement programs. In Tree Improvement for Sustainable Tropical Forestry. Dieters,M.J., Matheson,A.C., Nikles, D.G, Harwood, C.E. and Walker, S.M. (eds.). 1996. Proc. QFRI-IUFRO Conf., Caloundra, Queensland, Australia.27 October-1 November 1996. 110- 117 pp.

_____. 2001a. Breeding strategies for forest trees: Concepts and Challenges. In Forest Genetics for the Next Millennium.Tropical Species Breeding and Genetics Resources. (IUFRO. 2000. International Conference Centre: Durban, South Africa). Durban, South Africa. 24-32 pp.

_____ . 2001b. Breeding strategies for forest trees: Concepts and Challenges. Southern African Forestry Journal. Nº 190, March. 31-41 pp.

YONG-BI FU, G; CLARKE, P.Y.; NAMKOONG, G; YANCHUK,A.D. 1998. Incomplete block designs for genetic testing: statistical efficiencies of

estimating family means. Canadian Journal of Forestry Research.28: 977-986 pp.

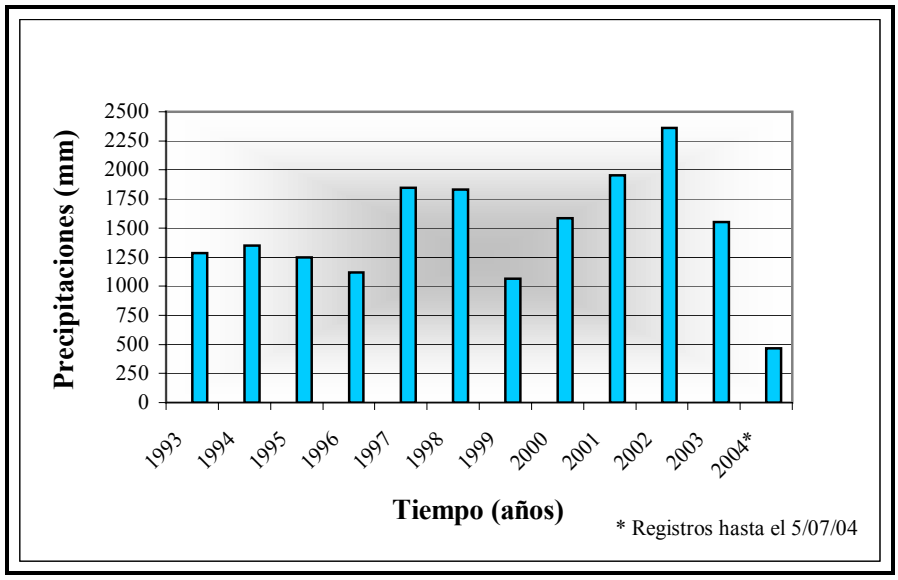
ZOBEL, B.; TALBERT, J. 1984. Apliedd Forest Tree Improvement. New York. John Wiley Et. Sons. 505 p.

_____; JACKSON, B. 1995. Genetics of Wood Production. New York. Springer – Verlag. Et. 337p

9. ANEXO

Anexo Nº1

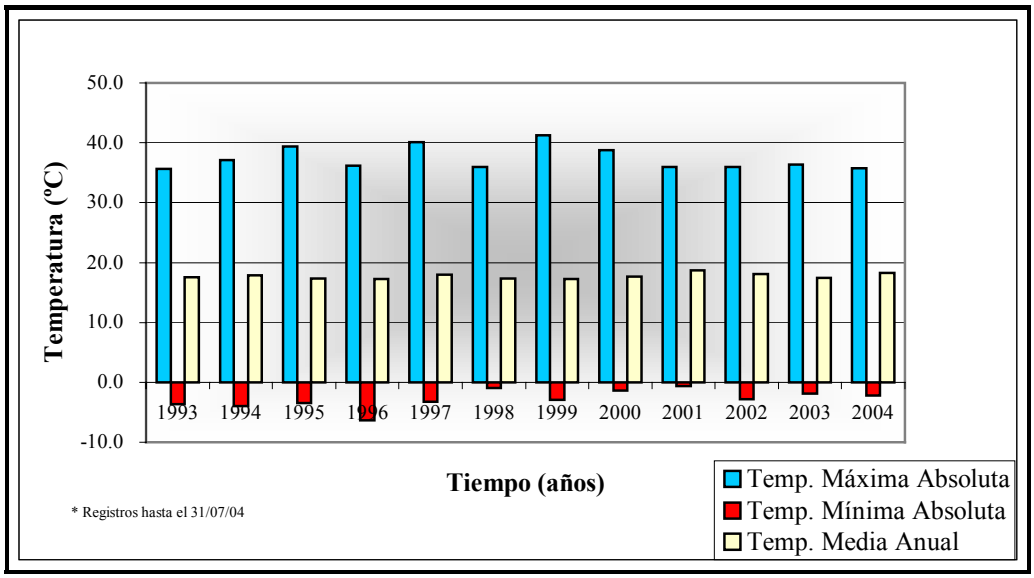
Precipitación anual en el vivero de la E.E.B.M. (Período 1993-2004*)



Fuente: Departamento Forestal

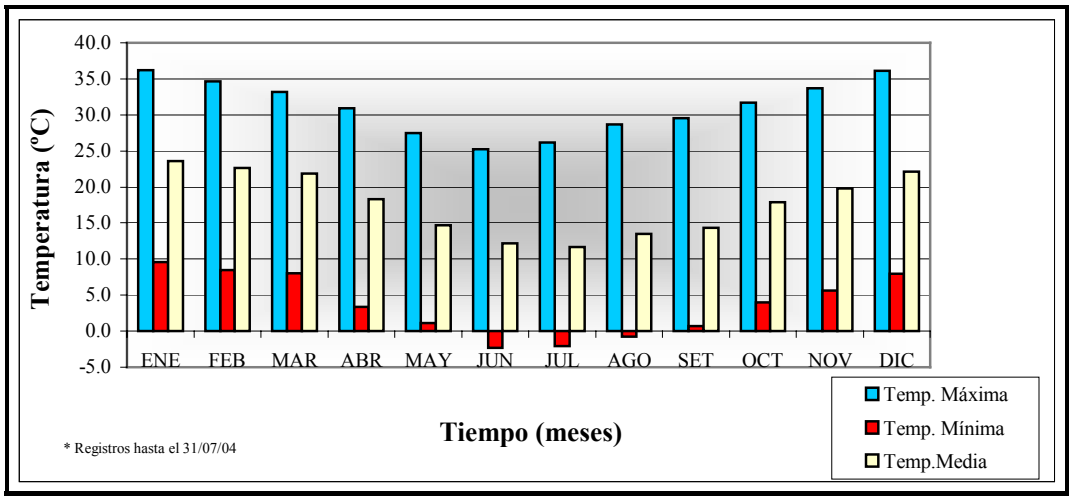
Anexo Nº2

Temperaturas absolutas máximas y mínimas y media anual para el período 1993-2004*



Fuente: Dirección Nacional de Meteorología

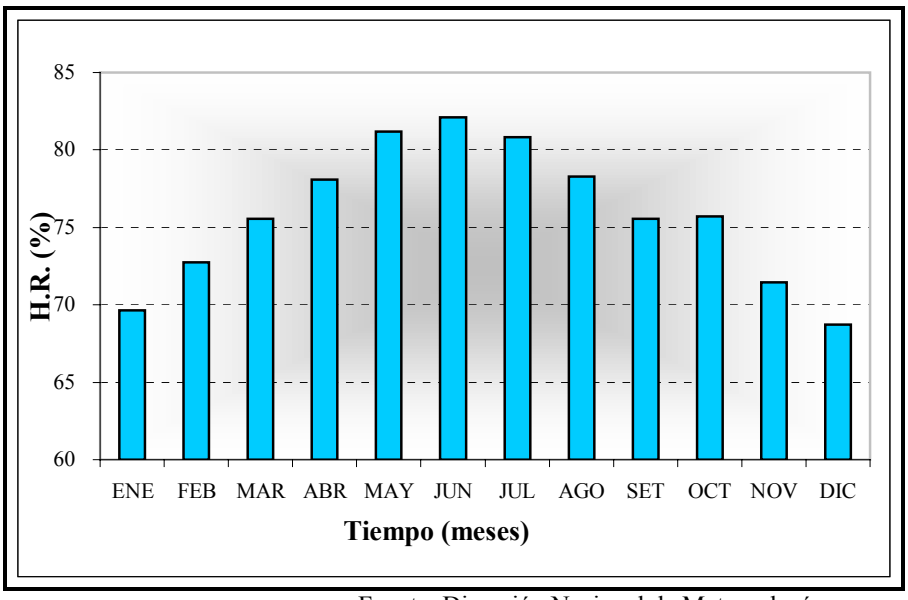
Anexo Nº3
Promedios mensuales de temperatura máxima y mínima y media para el período 1993-2004*



Fuente: Dirección Nacional de Meteorología

Anexo Nº4

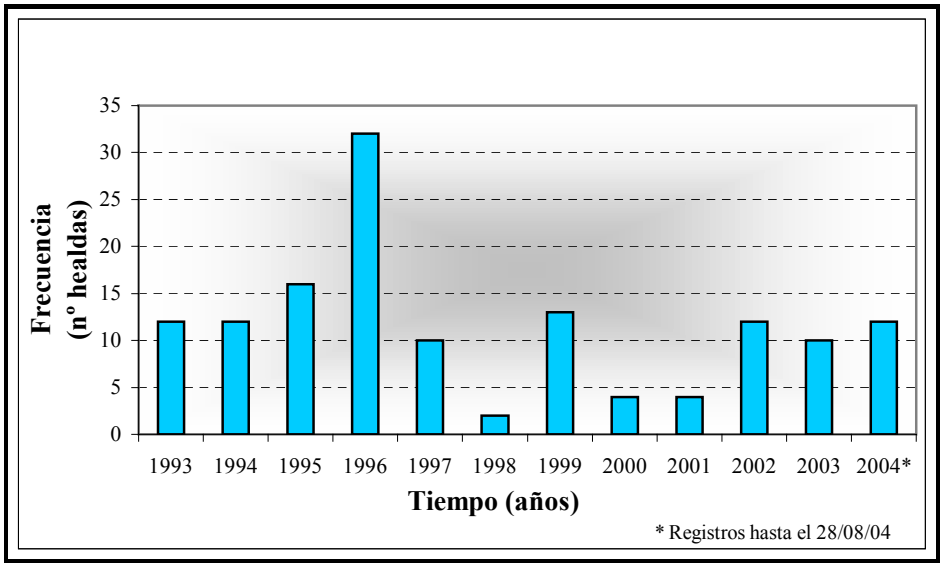
Promedios de Humedad Relativa Media Mensual para el período 1993-2003



Fuente: Dirección Nacional de Meteorología

Anexo Nº5

Frecuencia Absoluta de Heladas Anuales para el período de 1993-2004*



Fuente: Dirección Nacional de Meteorología

Anexo Nº6

Referencia de Códigos de las familias del Ensayo

Nº	Progenies	Nº	Progenies
1	EO (ensayo de orígenes) 4/2	30*	SHELL ALGORTA RIO NEGRO
2	EO 16	31	EO 19
3	EO 20	32	BS/11
4	EO 7	33	BS/13
5	DI/1	34	JL/6
6	JL/8	35	JL/17
7	EO 5	36	BS/8
8	JL/7	37	BS/2
9	BM (Bañado de Medina) BIO/3	38	JL/2
10	CB (Caja Bancaria) /11	39	CB/22
11	EE (ensayo de especies) /1M	40	EE/8M
12	EO 9	41	EE/7
13	EO 2	42	JL/SN (31)
14	BS (Banco de Seguros)/12	43	JL/24
15	EO 15	44	JL/13
16	JL/4	45	EE/5
17	EE/2M	46	JL/20
18	CB/8	47	EE/9M
19	CB/18	48	CB/5
20	JL/30	49	JL/9
21	EE/10M	50	JL/19
22	DT/2	51	CB/21
23	BS/5	52	JL/3
24	EO 18	53	JL/25
25	JL/12	54	EE/7M
26	EE/3	55	-
27	EO 8	56	-
28	JL/5	57*	BM HS (huerto semillero) POT 8
29	CB/15	58*	SHELL 238 ANHEMBI SAO PAULO

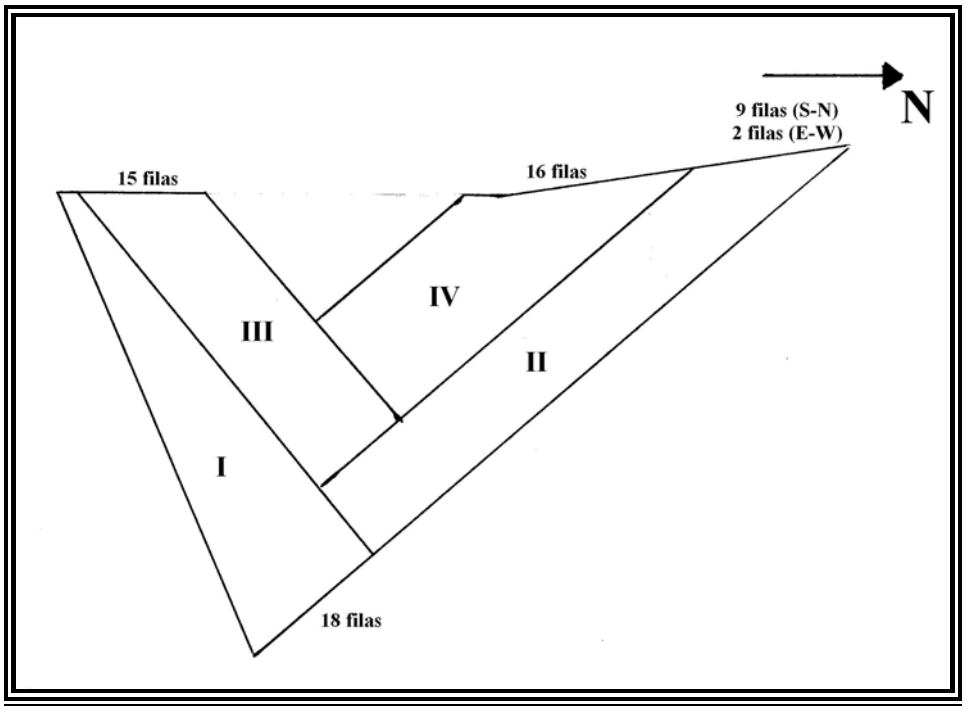
* Semillas comerciales (control)

Nº	Progenies	Nº	Progenies
59	DT/6	90	CB/24
60	EO 6	91	JL/11
61	BS/3	92	CB/4
62	BS/1	93	CB/20
63	CB/14	94	EO 14
64	BM BIC (Bicentenario)/26	95	EO 13
65	CB/16	96	CB/1
66	BS/7	97	EO 12
67	BS/6	98	EO 10
68	EE/4	99	CB/13
69	JL/6	100	CB/2
70	JL/21	101	BS/4
71	BM BIC/27	102	EE/8
72	CB/17	103	JL/18
73	BS/9	104	JL/27
74	JL/26	105	BS/10
75*	SHELL COFFS HARBOUR	106	CB/19
76	EE/8M	107	CB/12
77*	SHELL MUNDI SUD AFRICA	108	EE/4M
78	EO 3	109	JL/23
79	EO 17	110	EO 11-3
80	JL/22	111	CB/7
81	JL/29	112	BM BIC/22
82	EE/5M	113	EE/6M
83	CB/23	114	CB/3
84	DT/7	115	JL/15
85	DT/3	116	CB/9
86	DT/4	117	JL/1
87	JL/28	118	CB/10
88	BM BIC/12	119	EE/1
89	DT/5	120	BM BIC/9
		121*	COFUSA

* Semillas comerciales (control)

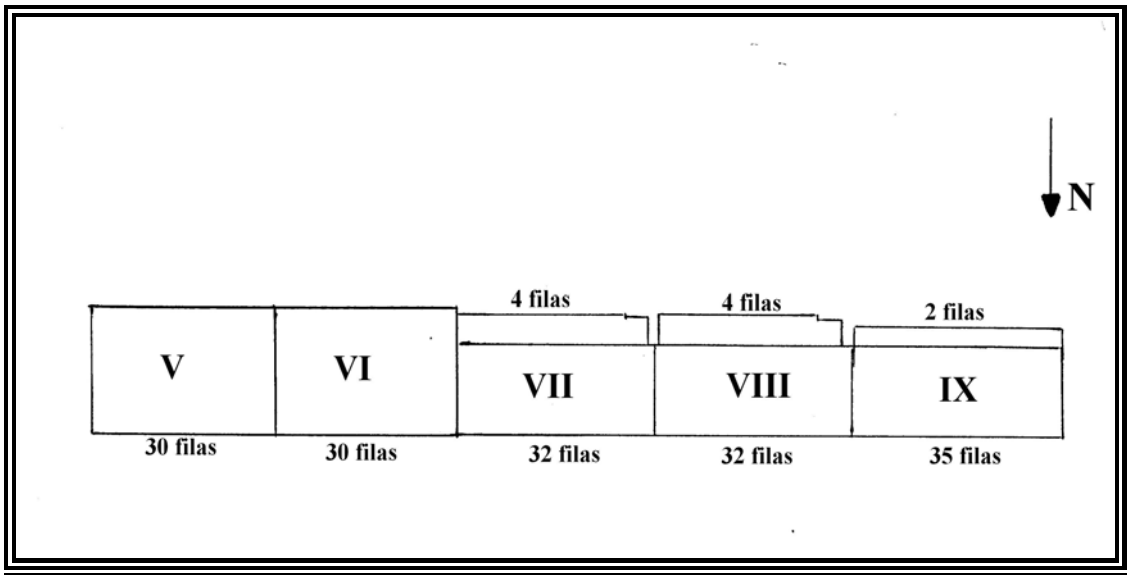
Anexo Nº 7

Croquis Sitio I -IV



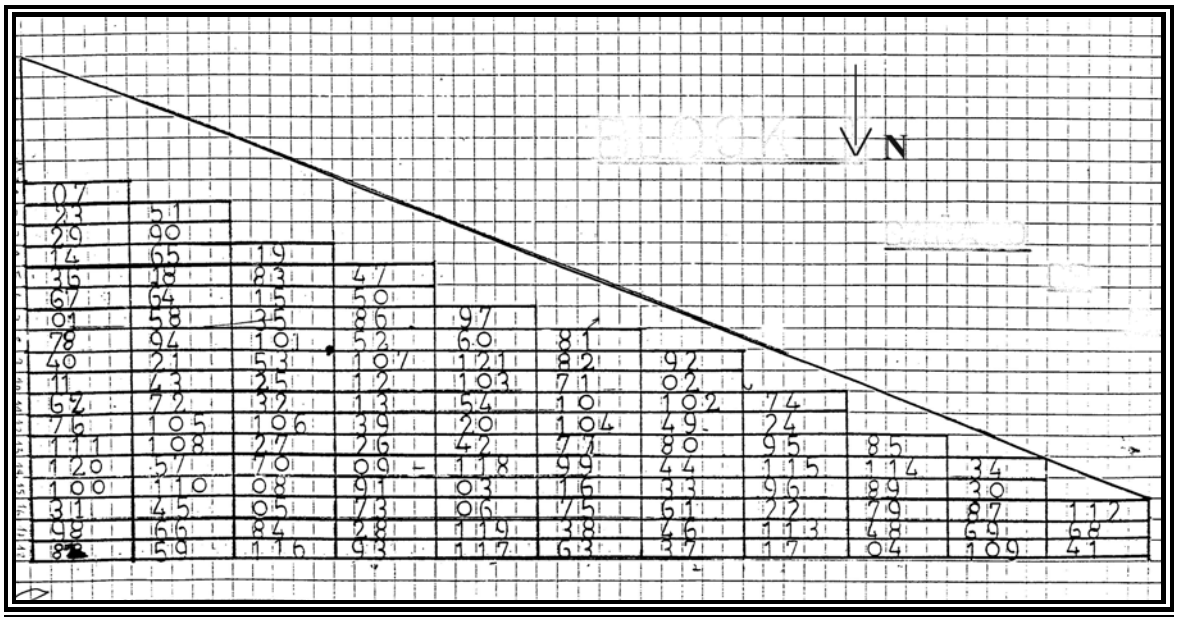
Anexo Nº8

Croquis Sitio V-IX



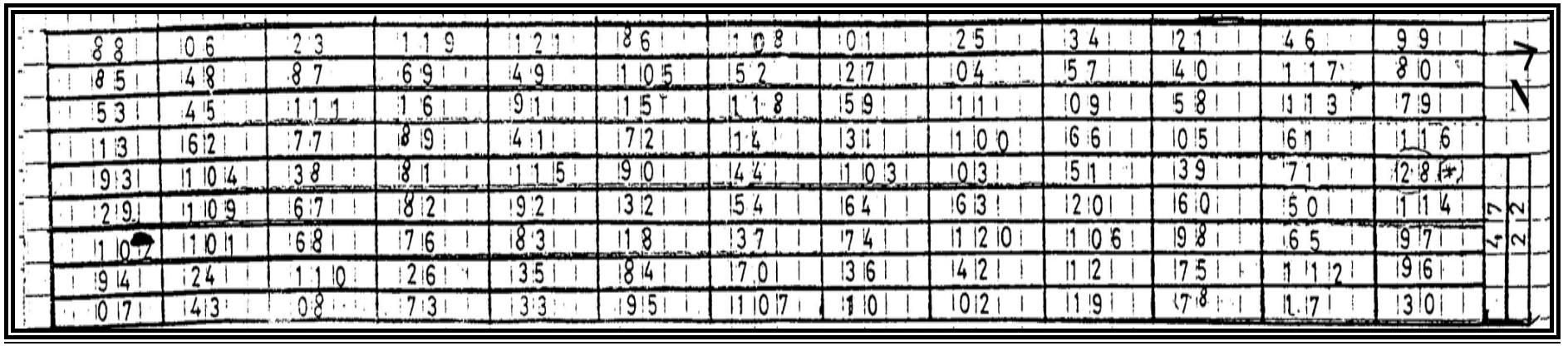
Anexo Nº 9

Croquis Bloque I



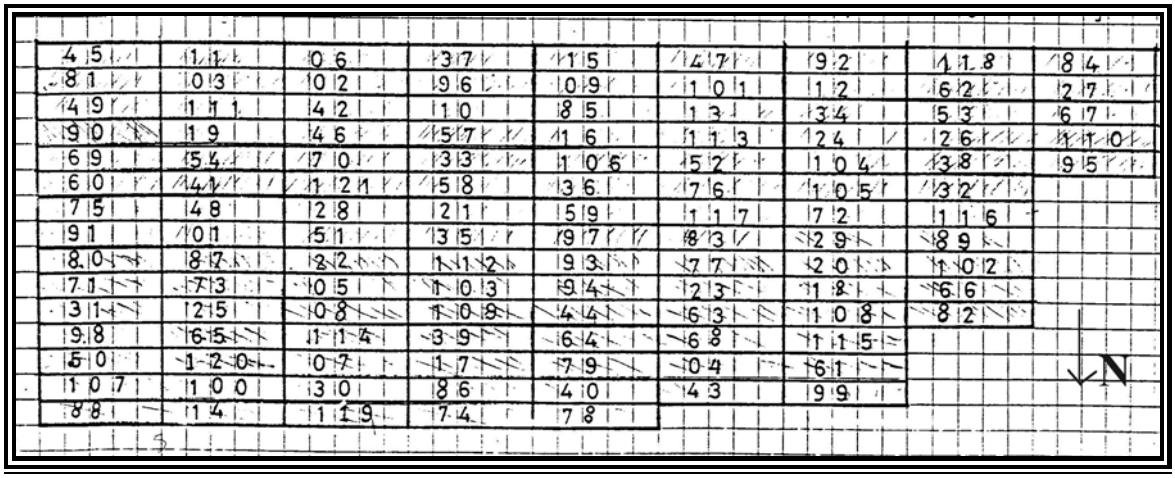
Anexo Nº 10

Croquis Bloque II



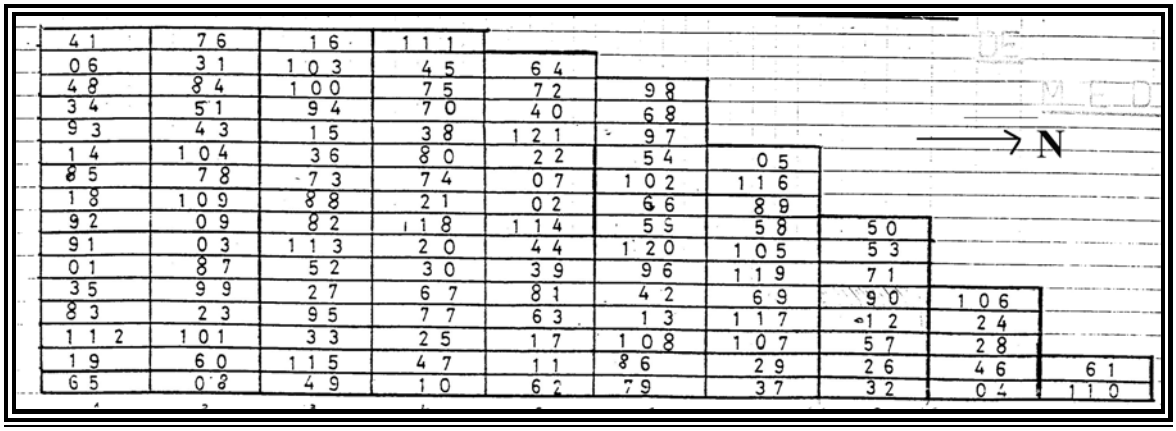
Anexo Nº 11

Croquis Bloque III



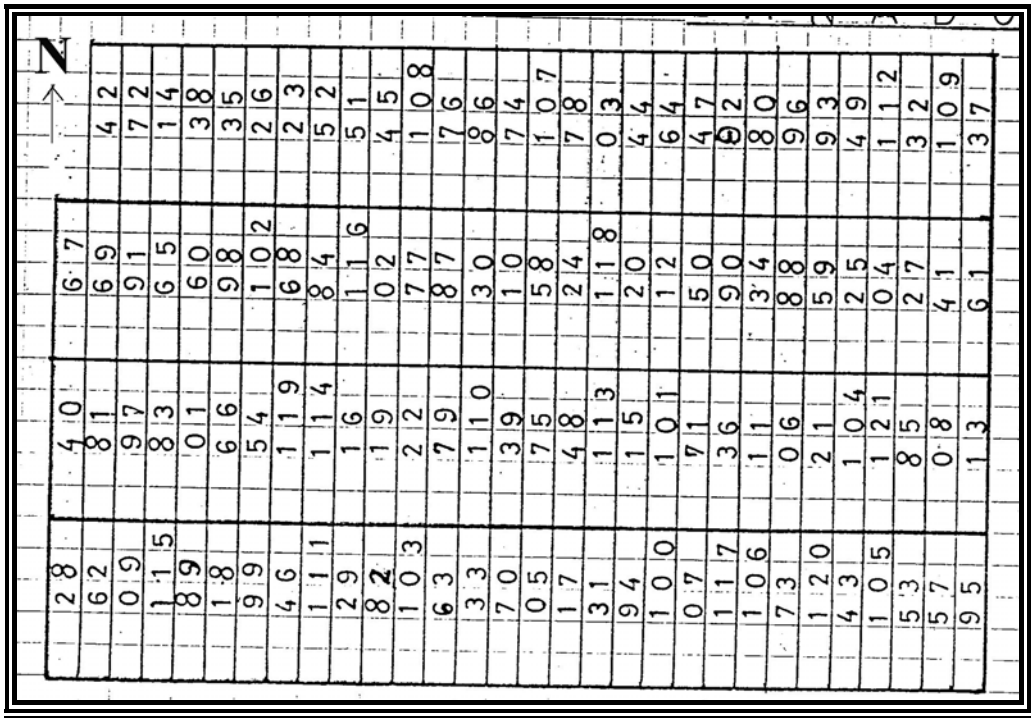
Anexo Nº 12

Croquis Bloque IV



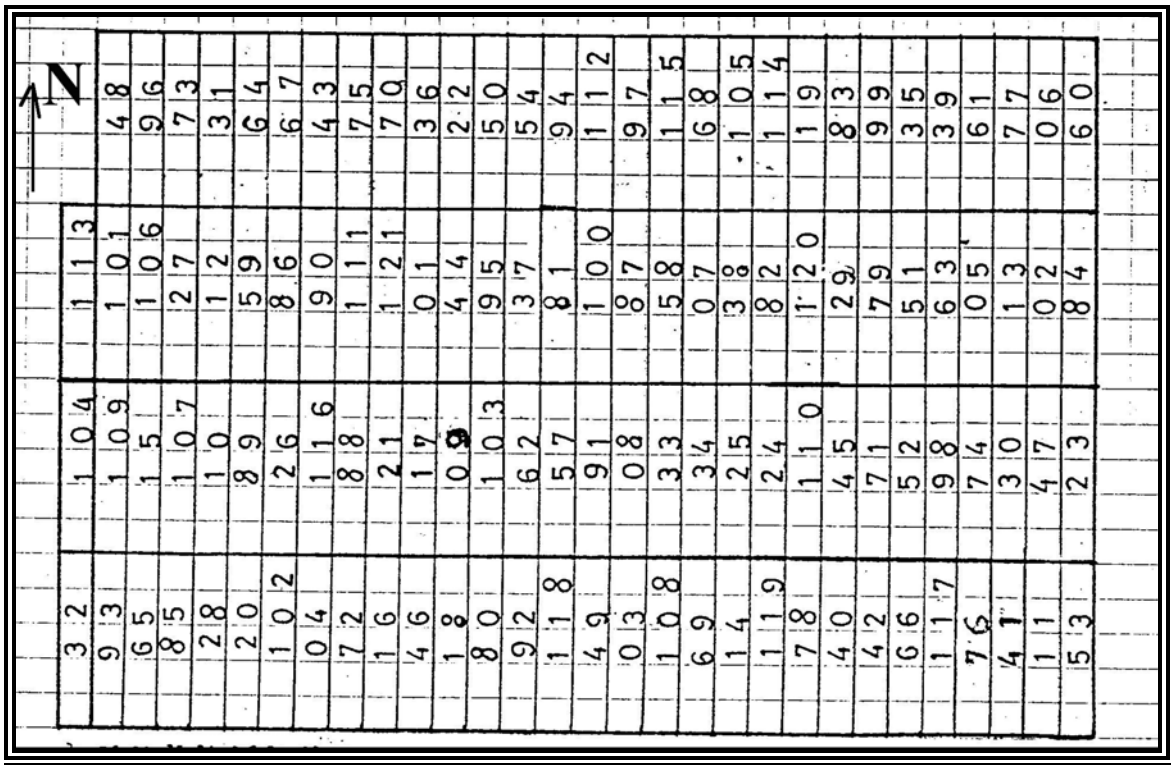
Anexo Nº 13

Croquis Bloque V



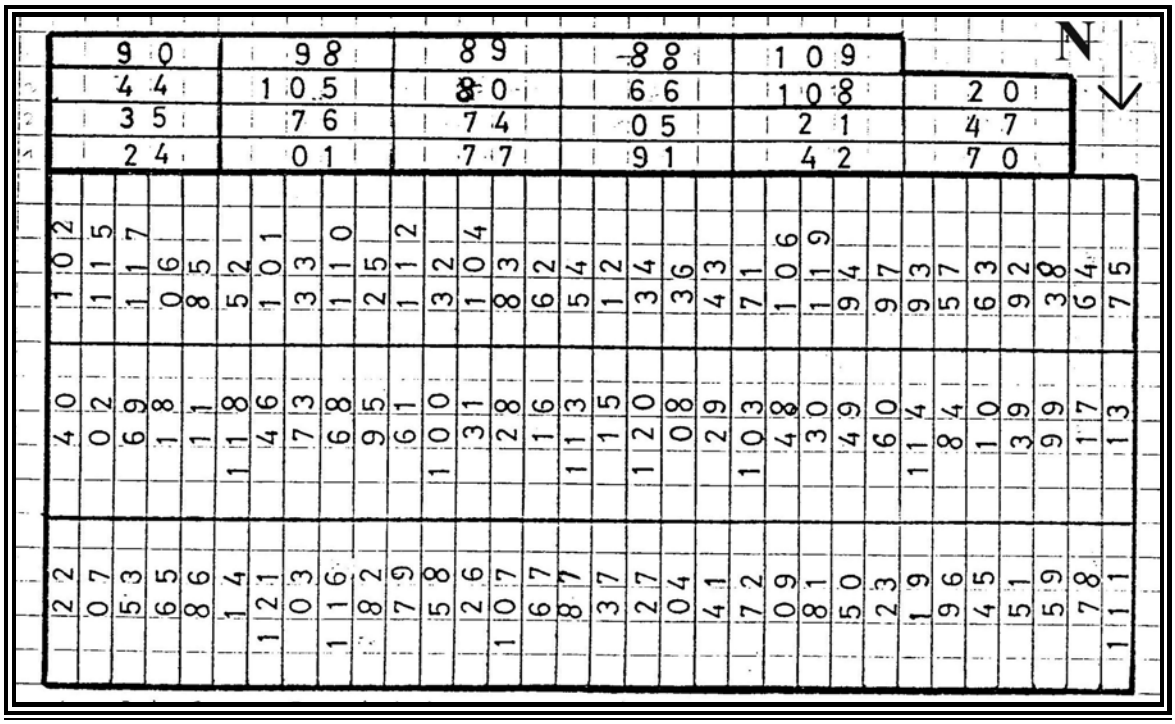
Anexo Nº 14

Croquis Bloque VI



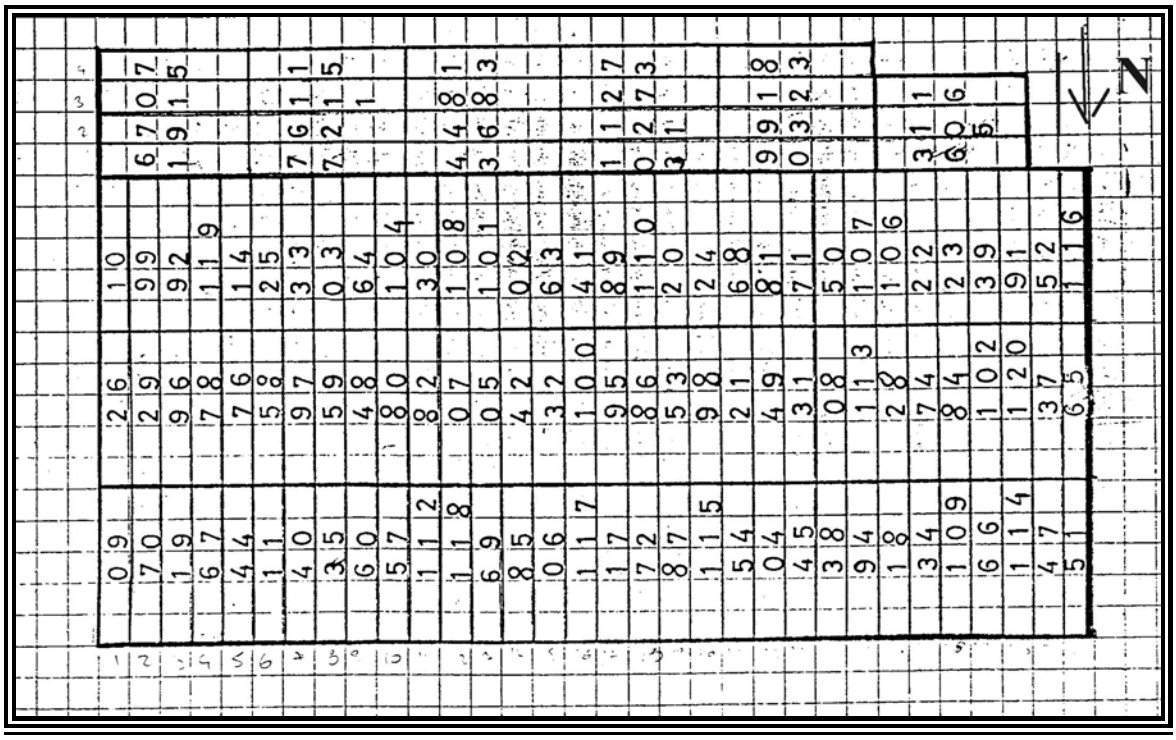
Anexo Nº 15

Croquis Bloque VII



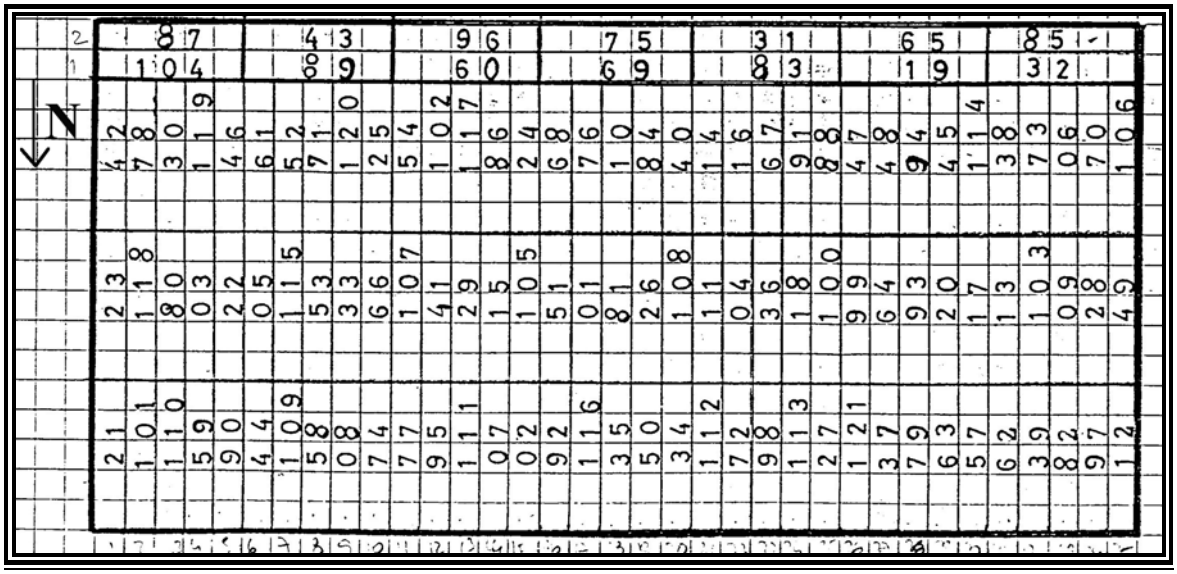
Anexo Nº 16

Croquis Bloque VIII



Anexo Nº 17

Croquis Bloque IX



Anexo Nº18

Ranking de las 25 mejores familias para las variables ALTURA, DAP y VOLUMEN.

Ranking	Familia	VC (Ht m)	Familia	VC (DAP m)	Familia	VC (VOL m^3)
1ª (mejor)	1	0.783	97	0.0157	97	0.0648
2ª	15	0.704	79	0.0125	79	0.0555
3ª	6	0.514	7	0.0114	2	0.0501
4ª	2	0.482	54	0.0103	7	0.0489
5ª	79	0.468	2	0.0101	98	0.0447
6ª	101	0.451	10	0.0099	19	0.0422
7ª	33	0.443	82	0.0098	54	0.0415
8ª	54	0.395	19	0.0095	33	0.0405
9ª	98	0.350	61	0.0092	61	0.0402
10ª	69	0.350	31	0.0086	10	0.0376
11ª	8	0.346	98	0.0085	14	0.0348
12ª	97	0.336	74	0.0084	74	0.0341
13ª	58*	0.331	33	0.0075	31	0.0335
14ª	75*	0.325	47	0.0072	1	0.0329
15ª	14	0.310	85	0.0071	6	0.0328
16ª	10	0.306	58*	0.0064	58*	0.0322
17ª	27	0.298	4	0.0061	5	0.0303
18ª	87	0.296	73	0.0061	75*	0.0288
19ª	92	0.295	75*	0.0058	82	0.0252
20ª	60	0.287	5	0.0058	73	0.0233
21ª	13	0.276	6	0.0058	8	0.0223
22ª	19	0.222	43	0.0054	47	0.0203
23ª	107	0.206	99	0.0049	4	0.0197
24ª	31	0.200	78	0.0048	78	0.0191
25ª	7	0.197	8	0.0046	85	0.0183

* Fuentes Comerciales

Anexo Nº19

Ranking de las 25 peores familias para las variables ALTURA, DAP y VOLUMEN.

Ranking	Familia	VC (Ht m)	Familia	VC (DAP m)	Familia	VC (VOL m^3)
1ª (peor)	53	-0.761	113	-0.009708033	64	-0.039209483
2ª	40	-0.613	64	-0.00942027	28	-0.032426939
3ª	111	-0.579	88	-0.009200713	119	-0.032017773
4ª	28	-0.532	119	-0.00873008	53	-0.031037775
5ª	71	-0.434	3	-0.00821013	40	-0.030858799
6ª	50	-0.430	91	-0.007902116	71	-0.029708939
7ª	119	-0.411	77*	-0.007767786	45	-0.029646504
8ª	64	-0.388	45	-0.007533601	113	-0.02958326
9ª	68	-0.388	117	-0.007429958	109	-0.029483422
10ª	109	-0.384	50	-0.007338344	112	-0.02923838
11ª	45	-0.372	48	-0.00729374	50	-0.028621489
12ª	51	-0.369	83	-0.00721259	117	-0.028308878
13ª	16	-0.362	28	-0.007164825	68	-0.02701693
14ª	81	-0.327	70	-0.006595748	38	-0.02692258
15ª	100	-0.322	25	-0.006495211	83	-0.025563812
16ª	32	-0.311	109	-0.006067273	25	-0.025195682
17ª	70	-0.294	84	-0.00594435	121*	-0.025150226
18ª	82	-0.290	112	-0.005693074	46	-0.024289544
19ª	41	-0.274	121*	-0.005521847	91	-0.023911112
20ª	117	-0.272	71	-0.005442274	108	-0.023771909
21ª	83	-0.252	86	-0.005369637	48	-0.022919774
22ª	42	-0.241	16	-0.005356035	77*	-0.022902132
23ª	18	-0.235	38	-0.005331802	34	-0.022711039
24ª	121*	-0.208	53	-0.005317594	88	-0.02246508
25ª	110	-0.200	46	-0.005297427	86	-0.022332443

*Fuentes Comerciales

Anexo Nº 20

Ranking individual según valor fenotípico ajustado para volumen (m^3).

Bloque	Familia	Individuo	Volumen ajustado (m^3)
5	12	2	0.525597199
7	12	5	0.505391137
2	12	2	0.496073782
6	12	3	0.48364188
2	12	5	0.471206539
4	17	5	0.593709823
8	17	2	0.590524809
2	17	3	0.557151745
8	17	1	0.541833097
1	17	4	0.507966593
1	20	2	0.625163628
9	20	4	0.6186234
4	20	3	0.598149284
2	20	3	0.582783204
8	20	3	0.546606035
1	21	3	0.626104565
9	21	2	0.596663541
4	21	1	0.570063027
3	21	4	0.538723703
2	21	5	0.515857234
4	27	4	0.637621196
2	27	4	0.584554361
6	27	1	0.582630408
2	27	1	0.576944837
8	27	4	0.553260826
5	35	5	0.932906424
5	35	3	0.655030337
9	35	5	0.577935313
4	35	5	0.556648996
6	35	3	0.550002208
6	36	1	0.861776914
1	36	1	0.651066315
7	36	3	0.574490969
1	36	2	0.545804816
8	36	3	0.536841695

Bloque	Familia	Individuo	Volumen ajustado (m^3)
9	37	1	0.548144913
6	37	3	0.537610197
7	37	1	0.504881533
4	37	3	0.467155717
7	37	5	0.466811293
4	39	3	0.751924043
6	39	4	0.59255606
4	39	1	0.549486416
5	39	2	0.547300632
2	39	5	0.519083718
6	43	5	1.073921699
4	43	5	0.543961711
9	43	2	0.542053423
1	43	4	0.537663454
5	43	4	0.522783333
6	60	4	0.710911558
5	60	4	0.693812887
4	60	5	0.675851577
3	60	2	0.536563363
9	60	3	0.501027166
9	67	4	0.59105498
5	67	4	0.559711474
7	67	1	0.556137894
4	67	4	0.502966928
8	67	2	0.485700291
4	69	1	0.580919814
9	69	4	0.574702786
6	69	5	0.568451629
1	69	1	0.53508017
5	69	4	0.511764842
5	72	1	0.751402849
4	72	5	0.601583333
1	72	3	0.587218585
8	72	4	0.550447129
1	72	5	0.513920906

Bloque	Familia	Individuo	Volumen ajustado (m^3)
7	76	5	0.549953964
7	76	4	0.53147871
8	76	5	0.507778395
3	76	1	0.496391332
7	76	1	0.477234682
4	87	4	0.658512184
5	87	2	0.557319539
3	87	5	0.547461527
4	87	5	0.5332572
7	87	2	0.526488164
1	90	1	0.797835201
2	90	5	0.563675446
4	90	5	0.536285563
3	90	5	0.516465201
1	90	5	0.515039308
5	92	5	0.663341247
4	92	2	0.569213238
1	92	4	0.527594339
8	92	2	0.511401143
9	92	1	0.45473566
1	93	3	0.570158115
8	93	3	0.529219191
5	93	4	0.521774344
7	93	1	0.503502355
1	93	2	0.495705039
6	94	1	0.713337671
1	94	1	0.578131705
1	94	5	0.49886535
9	94	2	0.493161867
8	94	5	0.491002501
7	99	1	0.553661853
2	99	3	0.547083447
6	99	5	0.544005914
1	99	1	0.510990321
9	99	2	0.501943563

Bloque	Familia	Individuo	Volumen ajustado (m^3)
4	101	2	0.645818151
2	101	3	0.642410576
1	101	3	0.588417216
6	101	4	0.577372871
9	101	5	0.546244347
4	106	4	0.77536496
6	106	3	0.516287798
7	106	5	0.4856089
6	106	1	0.477553432
5	106	4	0.450734111
5	107	2	0.665754029
2	107	1	0.615859662
5	107	5	0.604860504
6	107	5	0.57602207
4	107	2	0.511694136

Anexo Nº 21

Valores promedio, mínimo y máximo para las variables dasométricas Ht, DAP, VOL e IMA para las fuentes de semilla comercial.

Variable	Promedio	Mínimo	Máximo
Ht (m)	20.46 ± 3.55	7.30	26.40
DAP (m)	0.20 ± 0.04	0.09	0.29
VOL (m^3)	0.3469 ±0.1503	0.0455	0.7143
IMA_{11} (m^3/año)	0.0315 ±0.0137	0.0041	0.0649

Anexo Nº 22

Familias con mayor número de árboles sinuosos, según porcentaje de ocurrencia del defecto.

Familias	Nº Individuos / familia	% de Árboles Sinuosos / familia
44	33	12.1
49	38	10.5
59	39	10.3
77	36	11.1
105	32	12.5