

UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA
FACULTAD DE AGRONOMÍA

ESTUDIO DE LA DENSIDAD BÁSICA EN
HÍBRIDOS INTERESPECÍFICOS DE *Eucalyptus*
grandis Hill ex Maiden Y *Eucalyptus globulus*
Labill. ssp. *globulus*

por

Pablo Andrés HERNANDEZ OLVEYRA

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

MONTEVIDEO
URUGUAY
2011

Tesis aprobada por:

Director: -----
Ing. Agr. Rafael Ecuero Rodriguez

Ing. Agr. MSc. Luis Gallo Cáceres

Ing. Agr. MSc. Carmelo Centurión Fagúndez

Fecha: 17 de junio de 2011

Autor: -----
Bach. Pablo Andres Hernandez Olveyra

AGRADECIMIENTOS

Al Ing Agr. José Pedro García De León D.Ph. por la inspiración, los consejos y la guía inicial en el planteamiento del trabajo. Además por resolver la logística, la facilitación del material experimental, las herramientas, el personal y vehículo para el desarrollo de las tareas a campo.

Al Ing. Agr MSc. Carmelo Centurión y al Ing. Agr. Milton Cabrera por facilitarme información para el caso y responder a mis dudas en varias ocasiones.

Al Ing. Agr. Rafael Escudero y al Ing. Agr. MSc. Luis Gallo por el apoyo e interés durante el desarrollo del trabajo.

Al Tec. For. Robert Silvestre, y al personal de Forestal Oriental, que me acompañó y ayudó en el trabajo de campo.

Dedicado a mi familia y mis amigos.

TABLA DE CONTENIDO

	Página
PÁGINA DE APROBACIÓN.....	II
AGRADECIMIENTOS.....	III
LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES.....	VIII
1. <u>INTRODUCCIÓN</u>	1
2. <u>REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA</u>	3
2.1. <u>CONCEPTOS GENERALES DE GENÉTICA FORESTAL</u>	3
2.1.1. <u>El mejoramiento genético forestal. Concepto, importancia y objetivos</u>	3
2.1.2. <u>El programa de mejoramiento genético forestal</u>	4
2.1.2.1. <u>Concepto y objetivos</u>	4
2.1.2.2. <u>Principales aspectos de un programa de mejoramiento</u>	4
2.1.3. <u>El ciclo de mejoramiento forestal</u>	5
2.1.3.1. <u>La población base</u>	6
2.1.3.2. <u>La población selecta</u>	7
2.1.3.3. <u>La población de mejoramiento</u>	8
2.1.3.4. <u>La población de reproducción</u>	8
2.1.3.5. <u>Inclusiones de poblaciones externas</u>	9
2.1.3.6. <u>Las pruebas genéticas</u>	10

2.1.4.	<u>Híbridos inter-específicos</u>	10
2.1.4.1	Estrategias de mejoramiento con híbridos.....	12
2.1.4.2.	Los híbridos y su propósito en programas de mejoramiento genético en Eucalyptus.....	12
2.1.4.3.	El interés de los híbridos de E. grandis x E. globulus spp globulus en Uruguay.....	15
2.2.	LOS MODELOS EN EL ANALISIS DE DATOS.....	17
2.2.1.	<u>El modelo lineal mixto en el mejoramiento forestal</u>	17
2.2.2.	Modelos parentales y modelos individuales.....	18
2.3.	EL PESO ESPECÍFICO APARENTE BASICO DE LA MADERA EN EL MEJORAMIENTO FORESTAL.....	20
2.3.1.	<u>Conceptos y definiciones</u>	20
2.3.1.1.	La gravedad específica y el peso específico.....	20
2.3.1.2.	El peso específico.....	20
2.3.2.	<u>La densidad básica de la madera y el mejoramiento forestal</u> ..	22
2.3.2.1.	La densidad básica como característica de selección.....	22
2.3.2.2.	La densidad básica como una propiedad compleja.....	22
2.4.	ANÁLISIS ESTADÍSTICO.....	24
3.	<u>MATERIALES Y MÉTODOS</u>	25
3.1.	UBICACIÓN DEL ENSAYO.....	25
3.2.	DESCRIPCIÓN DEL ENSAYO.....	26
3.2.1.	<u>Instalación y cuidados culturales</u>	26

3.2.2.	<u>Diseño del ensayo</u>	28
3.3.	CARACTERIZACIÓN DE LOS RECURSOS NATURALES DEL SITIO.....	29
3.3.1.	<u>Caracterización geológica</u>	29
3.3.2.	<u>Caracterización edafológica</u>	29
3.3.3.	<u>Caracterización climática</u>	31
3.4.	METODOLOGIA DE TRABAJO.....	34
3.4.1.	<u>Selección de los árboles a muestrear</u>	34
3.4.2.	<u>Medición de los caracteres a campo</u>	35
3.4.3.	<u>Cálculos de laboratorio</u>	36
3.4.3.1.	Espesor diametral de corteza.....	36
3.4.3.2.	Estimación del volumen.....	36
3.4.3.3.	Estimación del peso específico aparente básico....	36
3.4.3.4.	Análisis de datos.....	37
4.	<u>RESULTADOS Y DISCUSION</u>	38
4.1.	DIÁMETRO A LA ALTURA DEL PECHO.....	38
4.2.	ESPESOR DIAMETRAL DE CORTEZA.....	39
4.3.	ALTURA TOTAL.....	41
4.4.	VOLUMEN TOTAL.....	42
4.5.	PESO ESPECÍFICO APARENTE BÁSICO.....	44
4.6.	SINTESIS DE LAS VARIABLES EVALUADAS.....	46
5.	<u>CONCLUSIONES</u>	47
5.1.	LOTES EVALUADOS EN EL ENSAYO 173.....	47

5.2. RECOMENDACIONES.....	48
6. <u>RESUMEN</u>	49
7. <u>SUMMARY</u>	50
8. <u>BIBLIOGRAFÍA</u>	51
9. <u>ANEXOS</u>	54

LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES

Cuadro No.	Página
1. Identificación y descripción de los cruzamientos considerados.....	28
2. Datos estadísticos climatológicos para el departamento de Paysandú.....	31
3. Parámetros estadísticos de diámetro a la altura del pecho según lote.....	39
4. Parámetros estadísticos de espesor diametral de corteza según lote.....	40
5. Parámetros estadísticos de altura total según lote.....	41
6. Parámetros estadísticos de volumen total sin corteza según lote.....	43
7. Listado de los diez mejores árboles según volumen individual.....	43
8. Parámetros estadísticos de peso específico aparente básico según lote.....	45
9. Listado de los diez mejores árboles según peso específico aparente básico individual.....	45
Figura No.	
1. El ciclo de mejoramiento genético forestal.....	6
2. Imagen de Google Earth mostrando ubicación geográfica del ensayo.....	25
3. Esquema del Ensayo No. 173 a.....	26
4. Esquema del Ensayo No. 173 b.....	27
Gráfico No.	
1. Evolución de las Temperaturas Medias mensuales a lo largo del año para el periodo 1961-90, registradas en la Estación Meteorológica de Paysandú.....	32
2. Evolución de las temperaturas máximas medias mensuales a lo largo del año para el periodo 1961-90, registradas en la estación meteorológica de Paysandú.....	32
3. Evolución de las temperaturas mínimas medias mensuales a lo largo del año para el periodo 1961-90, registradas en la estación meteorológica de Paysandú.....	33
4. Evolución de las precipitaciones acumuladas mensuales medias a lo largo del año para el periodo 1961-90, registradas en la estación meteorológica de Paysandú.....	34
5. Estimación del diámetro a la altura del pecho promedio con corteza e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.....	38

6.	Estimación del espesor diametral de corteza promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.....	39
7.	Estimación de la altura total promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.....	41
8.	Estimación del volumen total sin corteza promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.....	42
9.	Estimación del peso específico aparente básico promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.....	44

1 INTRODUCCIÓN

La superficie forestal estimada del Uruguay para el año 2005 fue de aproximadamente 1.5 millones de hectáreas, lo que representa un 8.6 % del territorio del país. Bajo concepto de otras superficies forestadas existen otras 4000 ha. Además en Uruguay más del 97 % de dichos bosques son propiedad privada. De la anterior superficie forestal, el 50.9 % (unas 766.000 ha) corresponden a plantaciones (FAO, 2007).

Durante el periodo entre los años 2000 y 2005 y gracias al incentivo dado por un marco legal sólido, la superficie forestada de Uruguay creció un 1.3 %, siendo este el porcentaje de forestación más alto entre todos los países de América latina para ese periodo (FAO, 2007).

Las políticas y legislación antes referida incentivaron además el desarrollo y la protección de los recursos genéticos forestales en el Uruguay. Los diferentes instrumentos legales de que se valió el Estado para promocionar la actividad forestal fueron los siguientes: 1) Ley Forestal 15.939 del año 1987; 2) Ley de Semillas; 3) Ley de Impacto Ambiental; 4) Ley de Áreas Protegidas; 5) Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos; 6) Ratificación de la Convención sobre Biodiversidad; 7) Integración al Proceso de Montreal; 8) Ratificación del Protocolo de Kioto y de Mecanismo de Desarrollo Limpio. Dichos instrumentos legales son generalmente promovidos, entre otros, por el Ministerio de Ganadería y Pesca y por el Ministerio de Vivienda, Ordenamiento Territorial y Medio Ambiente. Si bien son varios los instrumentos legales que están dedicados en alguna medida a los recursos genéticos forestales, no hay instrumentos específicamente dirigidos a éstos. Por lo anterior, ocurre que muchas veces se produzcan solapamiento y hasta contradicciones en lo que refiere a los recursos genéticos forestales. En resumen y pese a la vasta legislación nacional e internacional destinada a la gestión y conservación de los recursos naturales y de los bosques, son pocas las leyes aplicadas a los recursos genéticos forestales en Uruguay (FAO, 2003).

Entre las especies de latifoliadas introducidas al Uruguay, *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden y *Eucalyptus globulus* Labillardière ssp. *globulus*, se destacan tanto por su buena conformación como por su velocidad de crecimiento, lo que resulta en su amplia difusión como especies cultivadas con fines industriales en Uruguay (Brussa, 1994).

Mediante los métodos tradicionales de mejoramiento genético se prueban las mejores especies y orígenes para determinados sitios y se selecciona los mejores genotipos con las mejores características. Sin embargo, a través del desarrollo de híbridos inter-específicos, se pueden reunir las mejores y más convenientes características de dos especies progenitoras para producir un árbol a medida, que de otra manera no podría ser obtenido a partir de la selección dentro de la variabilidad natural existente (Zobel y Talbert, 1992). De esta manera, mediante la obtención de híbridos inter-específicos de *E. grandis* y *E. globulus*. ssp. *globulus*, sería posible obtener árboles

con el crecimiento del primero en el norte de Uruguay (Zonas 7, 8 y 9 CONEAT) y a la vez con la densidad de *E. globulus* ssp. *globulus*, logrando así un mejor rendimiento en celulosa que mediante la selección intra-específica.

El objetivo de este trabajo es, caracterizar las progenies resultantes de retrocruzas de dos individuos híbridos selectos con *E. grandis* y *E. globulus* ssp *globulus*, por su peso específico aparente básico (PEAB), volumétrico total (Vt s/c), espesor diametral de corteza (EDC), diámetro a la altura del pecho (DAP) y altura total (Ht), para las condiciones del sitio donde se encuentra el ensayo 173 de la empresa Forestal Oriental S.A. El sitio donde se instaló el ensayo es, establecimiento “El Carretón”, en la zona de Quebracho, departamento de Paysandú, Uruguay. Esta información es útil para evaluar el comportamiento relativo de los clones y constituye los fundamentos de un programa de mejoramiento genético.

2 REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1. **CONCEPTOS GENERALES DE GENÉTICA FORESTAL**

2.1.1. **El mejoramiento genético forestal. Concepto, importancia y objetivos**

En principio es importante explicar las diferencias entre los siguientes tres conceptos: genética forestal, genotecnia forestal y mejoramiento genético forestal. Primeramente, la genética forestal, se refiere a actividades que se limitan a los estudios genéticos de los árboles forestales. Por ejemplo, a la realización de cruzamientos para determinar los patrones de cruce entre las especies de un género, pero sin tener como objetivo el mejoramiento, sino únicamente el conocimiento científico en sí. Segundo, la genotecnia forestal, refiere a actividades enfocadas a la resolución de un problema específico o a la producción de un producto particular. Ejemplo de esto es, el desarrollo de variedades de árboles resistentes a una enfermedad puntual o que producen madera con una característica deseada. Por último, el mejoramiento genético forestal, es la actividad que aplica los conocimientos de disciplinas como, la genética forestal, la silvicultura, la economía y la biología forestal para el desarrollo de variedades forestales genéticamente mejoradas, en forma económicamente eficiente, a través de la maximización de la ganancia genética por unidad de tiempo al mínimo costo posible (Zobel y Talbert 1992, White et al. 2007).

En la actualidad, el desarrollo forestal de un país se basa en plantaciones a gran escala de especies de rápido crecimiento (Eucaliptos, Pinos y Salicáceas), con un manejo intensivo para la producción de madera con destino industrial, tanto triturada (pastas, tableros, etc.), como sólida (madera aserrada, re-manufacturada, estructural, muebles, etc.). A través del mejoramiento forestal, se puede obtener variedades de árboles genéticamente mejoradas que produzcan madera en mayor cantidad y mejor calidad, menor turno de aprovechamiento, mayor adaptación a sitios marginales, menores costos de establecimiento, cosecha, procesos industriales etc. De modo que con el mejoramiento genético forestal se mejora el rendimiento económico de la actividad forestal, por lo que entonces el desarrollo forestal depende en gran medida de éste (Marco, 2005).

El objetivo a escala mundial de los programas de mejoramiento genético forestal, es el aumento del rendimiento en volumen maderero y en valor económico de las plantaciones para satisfacer la creciente demanda de productos forestales y a la vez reducir la presión de la demanda sobre los bosques naturales. Además, el objetivo puntual de un programa de mejoramiento genético forestal para una empresa o una cooperativa, es desarrollar variedades genéticamente mejoradas en forma económicamente eficiente, a través de la maximización de la ganancia genética por unidad de tiempo al mínimo costo posible (White et al., 2007).

A pesar de su utilidad, el mejoramiento genético forestal, a diferencia de el mejoramiento en otros cultivos como los agrícolas, se encuentra en etapas iniciales,

debido fundamentalmente a que los primeros programas de mejoramiento empezaron recién en las años cincuenta, por lo que muchas veces, los materiales que se usan en las plantaciones comerciales difieren poco de los encontrados en poblaciones silvestres (White et al., 2007).

2.1.2. El programa de mejoramiento genético forestal

2.1.2.1. Concepto y objetivos

Un programa de mejoramiento genético forestal busca desarrollar variedades de árboles genéticamente mejoradas, para incrementar el valor económico o social de un área a forestar o reforestar. A nivel mundial el mejoramiento genético forestal es una parte crucial en cualquier programa de forestación, y se compone de un ciclo de actividades como la selección, cruzamientos dirigidos, pruebas genéticas etc. (White et al., 2007).

Un programa de mejoramiento genético, busca cambiar las frecuencias génicas para unas pocas características de interés (como crecimiento volumétrico o densidad básica) de una población silvestre no domesticada, para obtener una nueva población en la cual las frecuencias génicas, se adaptan mejor a determinado objetivo. El objetivo para el cual se mejora es muy variable y depende de la realidad en la que se inserta el programa de forestación. Este objetivo puede ser tanto obtener variedades de mayor rendimiento volumétrico para un programa de forestación industrial, como desarrollar variedades resistentes a algún tipo de estrés para reclamación de suelos marginales, o la obtención de variedades forestales fijadoras de nitrógeno para su uso en sistemas agrícola-forestales, o variedades de mejor aptitud para la producción de bioenergía (White et al., 2007).

2.1.2.2. Principales aspectos de un programa de mejoramiento

Dada la gran variabilidad que existe en la biología de las diferentes especies (forma dispersión, tamaño y cantidad de semilla, edad y época de floración, etc.), requerimientos silviculturales, objetivos finales y restricciones económicas que se tengan, el diseño y la intensidad de un programa de mejoramiento genético puede variar considerablemente (White et al., 2007). Sin embargo y a pesar de dichas diferencias y del gran número de actividades que conforman parte de todo programa, existe una estructura así como un conjunto de conceptos y actividades comunes para todo programa de mejoramiento genético forestal (White et al., 2007). En general existen cinco etapas por las que transcurren todos los programas de mejoramiento genético forestal; en primer lugar, la determinación de que especies, orígenes y procedencias son más indicadas para plantaciones en determinada área; en segundo lugar, hay que determinar la cantidad, el tipo y las causas de variación que tenemos dentro de la población de interés; tercero, obtener un método para el “agrupamiento de las características deseadas en individuos mejorados”, dicho de otra manera, hay que llegar a un proceso para poder reunir todo el conjunto de características de interés dentro de un

árbol; cuarto, obtención a gran escala de individuos con el conjunto de características deseadas; por último, se debe llegar a desarrollar y mantener una población de mejoramiento lo suficientemente grande como para permitir que se continúe con nuevos ciclos de mejoramiento (Zobel y Talbert, 1992). Un modelo conceptual que engloba todas los conceptos y actividades involucradas en un programa de mejoramiento forestal es el “Ciclo de mejoramiento forestal” (White et al., 2007).

2.1.3. El ciclo de mejoramiento forestal

Es un modelo que resume y explica las distintas actividades que se realizan en un programa de mejoramiento, como la selección, entrecruzamientos, pruebas genéticas, producción de árboles en masa etc, así como los varios tipos diferentes de poblaciones conceptuales que involucra (ver Figura No. 1). Dichas poblaciones son puramente conceptuales, dado que cada una se nombra a partir de una actividad que es parte del ciclo de mejoramiento forestal. Normalmente los programas de mejoramiento forestal utilizan de varios tipos de poblaciones: la población base, la selecta, la de mejoramiento, la de reproducción y la externa, cada una de ellas tiene una función específica y diferente que la define. Siempre que transcurre un ciclo de mejoramiento se forma poblaciones base, selectas y de mejoramiento mientras que los otros tipos de poblaciones pueden o no ser necesarias. A veces las diferentes poblaciones conceptuales de las que consta un programa de mejoramiento no se corresponden con poblaciones reales diferentes, sino que refieren a un grupo de árboles en determinado sitio los que pueden servir para varias funciones a lo largo del ciclo de mejoramiento. Esta flexibilidad en el uso de una o varias poblaciones reales para una o más funciones y que se suma a la variabilidad antes descrita para las etapas de un programa de mejoramiento, conlleva a que exista una gran diversidad entre programas de mejoramiento genético forestal (White et al., 2007).

Selección, entrecruzamientos y pruebas genéticas, son las actividades centrales en el ciclo de mejoramiento. Estas son aplicadas secuencialmente de manera que, se selecciona individuos de la población base para conformar la población selecta, y se selecciona algunos o todos los de la población selecta para formar la población de mejoramiento, luego se plantean los entrecruzamientos entre los individuos de la población de mejoramiento para inducir la recombinación de alelos, seguidamente la progenie obtenida de los entrecruzamientos constituirá la población base del próximo ciclo de mejoramiento y nuevamente se seleccionara individuos superiores (ésta, podrá ser asistida o no por diversas pruebas genéticas). Si todo se hace correctamente, la selección durante el segundo ciclo de mejoramiento producirá una ganancia genética adicional, dado que la población base de la que parte posee mayor proporción de alelos favorables que la que se tenía al comienzo del primer ciclo. De dicha manera se suceden los ciclos uno tras otro, adicionándose con cada uno cada vez mas ganancia genética (White et al., 2007).

Cabe ahora hacer algunas aclaraciones respecto a algunos términos; primero el número de años entre sucesivas selecciones entre un ciclo y el siguiente, se denomina intervalo generacional; segundo, cuando se habla de ciclo, se hace referencia a la etapa en que se encuentra un programa de mejoramiento genético, de modo que si se dice que un programa ha completado su tercer ciclo, significa que ha transcurrido por tres ciclos completos de selección, entrecruzamiento y pruebas genéticas; tercero, a veces también se usa la palabra selección para referirse al concepto anterior, pero es más claro si como termino genético se lo refiere a, selección dentro de un ciclo específico. Por ejemplo, durante el primer ciclo de un programa de mejoramiento forestal solo hay selecciones de primera generación, luego la descendencia seleccionada de los entrecruzamientos de los árboles de la primera selección será entonces llamada segunda selección; cuarto, si durante el tercer ciclo en un programa de mejoramiento, se retiene (ej. por injerto) individuos de primera, segunda y tercera generación para ser usados en el diseño de los entrecruzamientos se dice que hay solapamiento generacional (White et al., 2007).

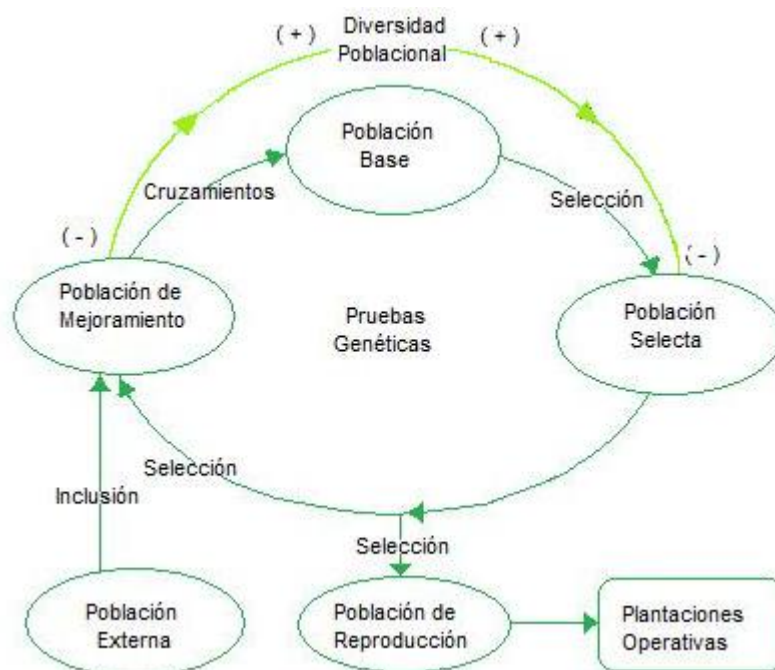


Figura No. 1. El ciclo de mejoramiento genético forestal.

Fuente: adaptado de White et al. (2007).

2.1.3.1. La población base

La población base o fundación, es la constituida por todos los árboles que podrían ser utilizados si se desea, por un programa de mejoramiento. Esta conforma la población de árboles que se mejorara a través de la selección y los entrecruzamientos, y se constituye por varios miles de árboles genéticamente distintos (Zobel y Talbert, 1992).

Cuando nos referimos a la población base de un primer ciclo de mejoramiento, la conformación de dicha población cambia según estemos hablando de un programa que mejora especies nativas o exóticas. Para un programa que mejora especies nativas, la población base se compone de todos los árboles creciendo en los rodales naturales disponibles para ser seleccionados, así como de plantaciones en la zona de mejoramiento (La zona de mejoramiento es, el conjunto de ambientes para los cuales se desarrolla una variedad mejorada. Típicamente se refiere a un área geográfica diferente del área natural de distribución, especialmente refiriéndose a la población base de un primer ciclo). Para un programa de mejoramiento en especies exóticas, incluye los árboles disponibles para ser seleccionados en; el rango natural de distribución de la especie, rasas locales y ensayos genéticos existentes en el país en que se desarrolla el programa u otros pises. Por otra parte la población base en generaciones avanzadas (Ej. Luego de haber sido completamente terminado un ciclo de mejoramiento), se conforma de la descendencia de los árboles ya seleccionados de la población de mejoramiento del ciclo anterior y que se encuentran plantados en ensayos genéticos. Estos árboles se encuentran disponibles para ser usados en selecciones avanzadas (White et al., 2007).

2.1.3.2. La población selecta

Todo ciclo de mejoramiento comienza cuando a partir de la población base se selecciona un grupo de individuos para conformar la población selecta. Esta consiste de un conjunto de individuos que poseen una mayor frecuencia de alelos favorables para los caracteres seleccionados que los de la población base. Al comenzar un ciclo de mejoramiento, los árboles que se seleccionan para conformar la población selecta del primer ciclo, se eligen solamente por su apariencia fenotípica (o selección masál), luego en generaciones avanzadas como cuenta con más información acerca del pedigrí, la progenie, la familias o los ancestros de los árboles candidatos de las poblaciones base, se puede utilizar otros sistemas de selección que permiten obtener mayor ganancia genética a lo hora se conformar la población selecta (White et al., 2007).

Al seleccionar se debe tener en cuenta que: primero, solo se logra ganancia genética para una característica determinada si, la proporción de alelos favorables para dicha característica es mayor en la población selecta que en la población base. La ganancia genética que se logra para una característica es muy variable, y es mayor cuanto mayor es la intensidad de selección (o mejores son los individuos seleccionados) y cuanto mayor sea el control genético de dicha característica (White et al., 2007): segundo, se debe recordad que cuando se conforma la población selecta a partir de la población base, se cambia las frecuencias alélicas (tanto en los caracteres seleccionados por el mejorador como en otros) de manera intencional debido a la selección, como por azar debido al proceso de muestreo. A causa de lo anterior pueden perderse algunos alelos raros importantes para el mejoramiento si no se toma un número suficiente de árboles para la población selecta (varios cientos) (White et al., 2007): tercero, es de suma importancia la adecuada identificación y descripción de los materiales seleccionados, y la utilización

de sistemas de etiquetado que perduren, ya que esto puede ser un grave problema a causa de confusión o pérdida de individuos (Zobel y Talbert, 1992).

2.1.3.3. La población de mejoramiento

Esta es la población conceptual que se conforma cuando algunos o todos los individuos de la población selecta se aparean para regenerar la variación genética a través de la recombinación de alelos durante la reproducción sexual. La descendencia que se obtiene mediante los distintos diseños de apareamiento de la población de mejoramiento se utiliza para llevar a cabo pruebas genéticas que asistan la selección, y a la vez darán lugar a la población base del próximo ciclo de mejoramiento. De esta manera se obtienen nuevas combinaciones de caracteres y se crea una variación genética extra tanto entre como dentro de las familias implantadas los ensayos genéticos que formaran la nueva población base. Es entonces que el mejorador aprovecha esta nueva variación, al seleccionar los mejores individuos de las mejores familias para formar la población base del siguiente ciclo. En este punto, se completa el círculo central de actividades del ciclo de mejoramiento, con la nueva población base y la información de las pruebas genéticas se utilizara para conformar la próxima población selecta (White et al., 2007).

Hay veces en que todos los individuos de la población selecta se utilizan para realizar los apareamientos y entonces la población selecta es idéntica a la población de mejoramiento, y entonces los entrecruzamientos se pueden realizar antes. Pero muchas veces se utiliza la llamada selección en dos pasos, en la que en principio se selecciona por ejemplo 1000 árboles por su vigor para conformar la población selecta y luego se retiene los mejores 300 por su calidad de madera para conformar la población de mejoramiento y de esta manera se logra una mayor ganancia genética en el transcurso de un ciclo de mejoramiento (White et al., 2007).

De cualquier modo la función primordial de la población de mejoramiento es la de producir los entrecruzamientos (por polinización abierta o controlada), para generar nuevas combinaciones genéticas en la progenie que formara la nueva población base y la consiguiente selección de los mejores árboles así creados para continuar produciendo ganancias genéticas en los caracteres elegidos en los próximos ciclos de mejoramiento (White et al., 2007).

2.1.3.4. La población de reproducción

La población de reproducción (o de producción) se compone comúnmente por los mejores individuos de la población selecta, siendo su función la producción en gran escala de plantines mejorados genéticamente para cumplir con las necesidades operacionales anuales de un programa de forestación. Al conjunto de plantas que se obtienen de esta manera se las llama variedad genéticamente mejorada (White et al., 2007).

La principal razón de separar la población de reproducción del ciclo principal de actividades del ciclo de mejoramiento es que su función es diferente. El ciclo central (o sea, de la población base, selecta y de mejoramiento) tiene como función la de obtener la mayor ganancia genética a lo largo de muchas generación de mejoramiento para lo cual se apoya sobre una base genética lo suficientemente grande (mejora a largo plazo), mientras que la función de la población reproductiva es la de capturar la mayor ganancia genética posible en ese ciclo de mejoramiento para ser aprovechada en las plantaciones del programa de forestación (mejora a corto plazo) (White et al., 2007).

Los huertos semilleros se encuentran entre los tipos más comunes de población de reproducción, conformándose comúnmente de propágulos vegetativos (obtenidos por injerto o estaca) de los mejores árboles de la población selecta, plantados en un área separada y manejados de forma específica para la producción de semilla. Es común que durante la vida útil de un huerto semillero se agreguen nuevos individuos seleccionados por las pruebas genéticas del ciclo central de mejoramiento o que se descarten otros que probaron ser genéticamente inferiores. La selección de solo unos pocos mejores árboles de la población selecta para conformar un huerto semillero, aumenta la ganancia genética de la variedad mejorada operativa que se planta, pero también reduce su diversidad genética y limita su capacidad para soportar un programa de mejoramiento por si sola (White et al., 2007).

2.1.3.5. Inclusiones de poblaciones externas

En muchos programas de mejoramiento genético ocurre que luego de algunos años de comenzado el mismo, se realiza la inclusión de nuevos materiales que no se habían descubierto antes o que no estaban disponibles para su uso. El propósito de dichas incorporaciones puede ser, mejorar un carácter antes no incluido en el programa de mejoramiento, o simplemente ampliar la base genética usada por el programa luego de haber sido disminuida durante los ciclos de mejoramiento. Todos los materiales nuevos que se incluyan en el programa de mejoramiento deberán someterse a pruebas genéticas, para asegurar que mientras se mejora determinada característica no haya pérdidas de ganancia genética en otra. Por otro lado se irán introduciendo paulatinamente en los ciclos de mejoramiento antes de ser incorporados en la población de reproducción, para de esta manera aumentar la base genética sin disminuir la ganancia genética para las variedades mejoradas (White et al., 2007).

Algunas razones para la introducción son; realización de nuevas selecciones en poblaciones naturales para aumentar la base genética del programa de mejoramiento o para aumentar la frecuencia de alelos favorable en una característica dada; o la obtención de material selecto proveniente de otra área de mejoramiento dentro del mismo programa de mejoramiento o de otro programa de mejoramiento en la misma especie; o introducción para producir mejoramiento en una característica dada o ampliar la base genética del programa a través de la creación de híbridos intra-específicos o inter-específicos (White et al., 2007).

2.1.3.6. Las pruebas genéticas

Los pruebas genéticas son una parte central en cualquier programa de mejoramiento genético, estas se establecen a partir de la descendencia (correctamente etiquetada y con pedigrí conocido) o de clones, de cualquiera de las poblaciones del ciclo de mejoramiento, establecidas tanto en ensayos a campo, como en invernáculos o en laboratorio. Dichas pruebas varían el diseño, el número de caracteres que se desea probar, etc. Dependiendo de su objetivo principal éstas se denominan; ensayos de progenie, ensayos de rendimiento, poblaciones base, o experimento de investigación (White et al., 2007). Los programas de mejoramiento genético dependen de las pruebas genéticas para; evaluar la calidad genética relativa de cualquiera de la selecciones hechas durante cualquier fase del ciclo de mejoramiento; estimación de los parámetros genéticos (heredabilidades, correlaciones e interacción genotipo ambiente) para los caracteres de interés; conformar la nueva población base con una base genética lo suficientemente amplia; cuantificar las ganancias genéticas obtenidas por cada ciclo del programa de mejoramiento (White et al., 2007).

2.1.4. Híbridos inter-específicos

Por medio de híbridos inter-específicos artificiales se puede cruzar especies que de forma natural no podrían cruzarse y producir nuevos genotipos que reúnen una mejor combinación de características de las especies progenitoras, ya sea en un individuo o grupo de individuos (Diller y Clapper, citados por Zobel y Talbert, 1992).

Aunque más del 95 % de las 150 millones de hectáreas con plantaciones forestales del mundo están plantadas con especies puras, en los últimos años los híbridos artificiales han cobrado cada vez más importancia comercial en los programas de plantación (White et al., 2007). Y es que los híbridos inter-específicos tienen varios atributos que ofrecer a la forestación actual que las especies puras no, estos son: tener crecimiento más rápido; ampliar el rango fisiológico de una especie y su adaptabilidad a ambientes marginales; aportar resistencia a plagas o enfermedades que la una especie no posee; ofrecer un paquete más deseable de características como producto, por ejemplo mejor combinación entre rectitud de fuste y volumen sin corteza que las especies progenitoras; facilitar tareas silviculturales o de mejoramiento, por ejemplo al aumentar el porcentaje de enraizamiento de mini-estacas (White et al., 2007).

Sin embargo, hay que destacar que un híbrido no es más útil de por sí, sino que depende de la “calidad” de los progenitores. Un híbrido entre procedencias de comportamiento mediocre para una zona determinada tenderá a ser peor que el logrado con las mejores procedencias. Por ello siempre un programa de producción de híbridos va ligado a un programa de mejoramiento de las especies parentales (Zobel y Talbert, 1992).

En un principio el principal problema para el uso de híbridos forestales en los programas de plantación era la dificultad para producirlos económicamente a gran

escala. Entonces la meta era producir abundante semilla de un híbrido superior, y en un contexto de un programa de mejoramiento de dimensiones importantes. Si se quiere producir semilla en gran cantidad es necesario mano de obra competente, abundante y barata para realizar los cruzamientos (lo cual no es siempre posible), o el uso de técnicas como la “polinización masiva” para crear híbridos entre *Pinus palustris* y *Pinus taeda* con éxito muy variable (Bridgwater y Trew, citados por Zobel y Talbert, 1992), incluso en otros casos se cita la producción de híbridos de *Eucalyptus* donde se instala un huerto semillero donde la especie que servirá de “madre” es auto-incompatible (Campinhos, citados por Zobel y Talbert, 1992). Entonces, los principales problemas que planteaban los híbridos eran: la incapacidad de producirlos masivamente por semilla. Técnicas de propagación vegetativa precarias. Gran dificultad para obtener una población de híbridos F2 lo suficientemente homogénea para una plantación operativa (Zobel y Talbert, 1992).

Actualmente con el desarrollo de técnicas de propagación vegetativas muy eficientes (como las miniestacas enraizadas), es posible capturar el vigor híbrido o heterosis de un individuo excelente, resultante de algún tipo de híbrido y clonarlo de forma barata y eficiente a gran escala. La propagación vegetativa es la manera más eficiente y recomendable de explotar la variabilidad natural en un programa de mejoramiento genético forestal, permite (a través de la clonación) retener la superioridad genética de individuos superiores (ya sea debida a complementariedad o heterosis) para ser usada en plantaciones operativas (de Assis, 2000). Esto ha contribuido a, el impulso de la utilización de híbridos en programas de plantación forestal en muchos géneros como por ejemplo *Populus* y *Eucalyptus*. Los híbridos más comúnmente usados comercialmente se denominan F1 (formados por la descendencia entre dos especies puras), mientras que a también se incrementa el interés en otros tipos de híbridos como los F2 (formados al cruzar los F1), los híbridos complejos (en los que intervienen tres o cuatro especies puras, o las retro-cruzas (en las que los híbridos F1 se cruzan otra vez con uno de los progenitores originales) (White et al., 2007). Por otro lado, Zobel y Talbert (1992) plantean que una de las mejores formas de utilizar los híbridos son las retro-cruzas, las que si se hacen correctamente permiten transferir características convenientes de una especie silvestre a otra ya mejorada.

White et al. (2007) cita numerosos programas de mejoramiento genético que utilizan híbridos de *Eucalyptus grandis* con otras especies como *E. urophylla*, *E. camaldulensis*, *E. tereticornis* y *E. nitens*, para aumentar la velocidad de crecimiento, aumentar la densidad de la madera, mejorar el rendimiento de pulpa, mejorar adaptación a sitios marginales, y mejorar la resistencia a enfermedades.

Finalmente; de Assis (2000), reporta la utilización varios tipos de híbridos de *Eucalyptus* ssp, debido a su superioridad genética, en plantaciones de la empresa Riocell, S.A., así como numerosas pruebas y ensayos con híbridos de *Eucalyptus* ssp.

2.1.4.1. Estrategias de mejoramiento con híbridos

Según Verry (2000), el tipo de estrategia que se utilizara en un programa de mejoramiento con híbridos depende de muchas variables. Algunas de ellas son:

1. La razón por la que se hace el híbrido (Por ejemplo; combinación de caracteres complementarios, búsqueda de heterosis, adaptabilidad a ambientes marginales).
2. El tipo de expresión genética de las características de interés en el híbrido respecto de sus progenitores (Por ejemplo; expresión intermedia, dominante, supra-dominante).
3. La facilidad con que el híbrido resultante puede ser multiplicado en forma masiva para su uso en plantaciones operativas (Por ejemplo; de forma vegetativa por medio de micro-estacas, o a través de semilla sexual obtenida mediante técnicas de polinización en masa o huertos clonales).
4. Limitaciones que, el tiempo o el dinero disponibles representan a un programa de mejoramiento (ganancia genética por unidad de tipo y dinero invertidos).

2.1.4.2. Los híbridos y su propósito en programas de mejoramiento genético en Eucalyptus

Los híbridos como fuente de heterosis

La heterosis toma importancia, cuando se espera un alto grado de expresión no aditiva para la característica de interés en el híbrido (evidenciada por una alta aptitud combinatoria específica (ACE) en el híbrido y a la vez una baja aptitud combinatoria general ACG para el cruce). También puede tener interés la obtención de heterosis a través del cruzamiento de líneas endocriadas (que, para el caso sería la producida al cruzar las especies puras) (Verry, 2000).

Bouvet y Vigneron (1996), reportan para un trabajo en un programa de mejoramiento con híbridos de *E. grandis* x *E. urophylla* en Sudáfrica, el uso fructífero de una estrategia antes usada en maíz. Los investigadores explican que, como la ACG intra-específica suele no estar correlacionada con la ACG inter-específica expresada en los híbridos, el sistema típicamente usado en la generación de híbridos F1 (Selección Recurrente Simple SRS), suele no dar la ganancia genética esperada. Entonces ellos proponen una nueva estrategia la Selección Recurrente Recíproca (SRR). En esta, las poblaciones de reproducción de las especies puras que darán lugar al híbrido, pasan por un doble proceso de selección (primeramente, se selecciona a los mejores individuos dentro de cada una de las especies de acuerdo a los caracteres de interés, y seguido se vuelve a seleccionar dentro de estos por su habilidad para producir los mejor descendencia híbrida) para luego cruzarse (intra-específicamente) y generar la población

base de la siguiente generación, de manera de captar la heterosis. Este sistema probó ser más efectivo en el aprovechamiento de la heterosis, pero tiene el inconveniente de que un ciclo de mejoramiento con el sistema de SRR, necesita una vez y media de tiempo lleva el SRS, por lo que las ganancias genéticas logradas por SRR deben ser al menos un 50 % mayores que por SES, para que valga la pena el sistema (Verryn, 2000).

Recientemente, se ha descubierto la opción de hacer la selección antes a través de características correlacionadas. Si existe correlación de la característica de interés con características de los árboles en vivero o en laboratorio y entonces reducir la duración de un ciclo de mejoramiento por el sistema de SRR, haciéndolo así más eficiente (Verryn, 2000).

El mejoramiento con híbridos para complementación de caracteres

Es esta una de las razones más comunes para hacer un programa de mejoramiento con híbridos. En estos programas, el objetivo es combinar las características complementarias de los progenitores en el híbrido. Por ejemplo, combinando el crecimiento y buena forma de una especie como *E. grandis* con otra especie que aporte resistencia a enfermedades, tolerancia al frío o al estrés hídrico, mayor densidad de la madera, mayor rendimiento de pulpa, etc. Las opciones para lograr este objetivo son las siguientes:

- 1) Producción de híbridos entre las especies progenitoras cada generación; consta de mejorar simultáneamente las líneas parentales por su ACG para las características de interés, seguidamente de la producción del híbrido en cada ciclo de mejoramiento. Cuenta con la ventaja de que tener un alto grado de control sobre las líneas parentales como para el híbrido, pero con las desventajas de ser costoso ya que se debe mantener los parentales y el híbrido, y consumir bastante tiempo para probar los híbridos. Existe por otro lado la posibilidad de ganar tiempo al clonar los híbridos más promisorios antes de haber sido probados a campo, pero esto de cualquier modo es caro y limita la cantidad de cruces con que se trabaja (Verryn, 2000).
- 2) Retro-cruzas del híbrido con el progenitor principal; en esta estrategia, al cruzar al híbrido nuevamente con uno de los progenitores se busca mantener el paquete de características del progenitor principal y a la vez incorporar al híbrido una característica que la especie progenitora principal no posee. Por ejemplo CSIR viene desarrollando un programa con retrocruzas de *E. grandis* x (*E. grandis* x *E. camaldulensis*), en la que se busca mantener el crecimiento y forma de *E. grandis* y a la vez incorporar la resistencia a la sequía de *E. camaldulensis* (siendo que *E. grandis* participa en un 75% en la conformación del cruce, si se asume segregación y recombinación normal, se vio que la retro-cruza se desviaba poco de las medias de las características de interés para *E. grandis*). El proceso de retro cruza puede continuarse para asemejar el híbrido lo más posible al progenitor principal. En los últimos años viene siendo promisorio el

uso de marcadores moleculares para asistir el proceso de selección, y, entre otras cosas poder identificar si existe desequilibrio en la segregación del híbrido (Verryn, 2000).

- 3) Uso de selecciones de generaciones avanzadas de híbridos; si se parte de una población base lo suficientemente amplia, y se permite la creación de un “enjambre de híbridos” (F1, F2, F3 sucesivamente y otros tipos de cruza), luego de varios ciclos de recombinación y selección, la población llegará a una estabilización y es posible obtener ganancia genética. La ganancia genética estará limitada por la diversidad genética de la población base, por lo que es necesario el uso de poblaciones base relativamente grandes, aunque algunos trabajos indican que un tamaño poblacional de 40 familias es suficiente para capturar un porcentaje significativo de la variabilidad genética de una especie (Namkoong et al., citados por Verryn, 2000). Por otro lado se espera la aparición de algún tipo de vigor híbrido luego de alcanzado algún grado de equilibrio en el “enjambre de híbridos”, a causa de la reducción de la homocigosis (Verryn, 2000).
- 4) Híbridos complejos; estos se pueden utilizar para combinarse múltiples características de interés de diferentes especies o líneas. En comparaciones llevadas a cabo por CSIR, con (*E. grandis* x *E. urophylla*) x (*E. grandis* x *E. urophylla*) y (*E. grandis* x *E. urophylla*) x (*E. grandis* x *E. camaldulensis*) y poblaciones control de las especies parentales, no se encontraron diferencias significativas entre el crecimiento medio de los cruzamientos a los 50 meses de edad, e incluso una de las poblaciones control de *E. grandis* presentó un volumen significativamente mayor a la de todos los cruzamientos realizados. Actualmente el uso de híbridos complejos, recién se empieza a investigar, la falta de conocimiento acerca de su segregación y su expresión génica así como el costo, la viabilidad, y el tiempo necesario para el desarrollo de híbridos complejos podrían diluir sus potenciales ventajas (Verryn, 2000).

Mejoramiento para obtención de un híbrido adaptado a sitios marginales para las especies progenitoras

Actualmente son muy usados en programas en los cuales se pretende combinarse el crecimiento y buena forma de *E. grandis* con *E. nitens* para mejorar la resistencia a heladas, *E. camaldulensis* para mejorar la resistencia a la sequía, *E. tereticornis* para mejorar la resistencia a la sequía y al estrés térmico, o con *E. urophylla* para adaptación a zonas cálidas y húmedas. Con este tipo de híbridos se trata de formar un cruce que tenga mejor comportamiento que cualquiera de las dos especies progenitoras para ese sitio. Para el desarrollo de este tipo de híbridos es necesario que las características e interés tengan herencia de tipo aditiva, para que no haya segregación en forma significativa, ya que lo que se pretende es obtener en el híbrido un intermedio entre las características de las especies progenitoras (Verryn, 2000).

Estos se usan en Sud África, en programas de mejoramiento de selección recurrente simple SRS, que producen híbridos F1 de especies puras en las que se explota la aptitud combinatoria general ACG. Sobre todo en sitios que no son intermedios en cuanto a las exigencias de las especies parentales, estos programas son muy útiles ya que como necesitan del desarrollo de poblaciones mejoradas también para las especies puras, también se puede explotar estas últimas para su uso (Verryn, 2000).

Este tipo de estrategia, junto con las retro-cruzas viene siendo muy usada en programas de mejoramiento en Sud África, además de que hasta el momento no se ha podido encontrar heterosis significativa para las especies usadas y características de interés (Verryn, 2000).

2.1.4.3. El interés de los híbridos de *E. grandis* x *E. globulus* spp *globulus* en Uruguay

Entre las especies latifoliadas introducidas a Uruguay, *E. grandis* y *E. globulus* ssp. *globulus*, se destacan tanto por su buena conformación como por su velocidad de crecimiento. Dado las características antes referidas es que ambas especies son de los cultivos forestales más empleados en Uruguay. Ambas especies poseen características de la madera que las hacen muy adecuadas para la producción de pasta de celulosa. El rendimiento en celulosa de un material depende en forma significativa del volumen y de la densidad de la madera, si bien también depende de otros factores tales como el tenor de pentosanos, la relación de los tipos de lignina (guaiacyl/siringyl), el tenor de extractivos y la permeabilidad de la madera (Resquin et al., 2004).

Desde el punto de vista de la densidad de la madera, *E. grandis* se ubica dentro del grupo de las maderas livianas, con un peso específico aparente básico entre 350 y 500 kg/m³, mientras que *E. globulus* ssp. *globulus* presenta mayor densidad, ubicándose dentro del grupo de las semi-pesadas, con un peso específico aparente básico entre 500 y 750 kg/m³, (Sánchez, 1995). El peso específico aparente básico en *E. grandis* y *E. globulus* ssp. *globulus*, puede ser considerado un buen predictor del comportamiento de un material genético durante el proceso de fabricación de pastas celulósicas, (Resquin et al., 2004), por lo que desde dicho punto de vista *E. globulus* ssp. *globulus* tendría una mejor aptitud.

Si se considera incremento medio anual (IMA) en volumen, los crecimientos obtenidos por los mejores orígenes de *E. globulus* ssp. *globulus* en los mejores sitios para la subespecie (Zona 2 CO.N.E.A.T.), fueron de entre 23 a 38 m³/ha/año. En *E. grandis* se observaron valores de IMA entre 49 y 59 m³/ha/año en los sitios donde mejor crece. A saber las zonas 7, 8 y 9 CONEAT (Resquin et al., 2004).

En cuanto a valores de producción de pulpa de celulosa para *E. globulus* y *E. grandis* en Uruguay, para *E. globulus* ssp. *globulus* se obtuvo los mayores rendimientos para los sitios del sur (Zona 2 CONEAT), donde a la vez se obtuvo los mayores crecimientos, mientras que el rendimiento para *E. grandis* fue mayor en todos los sitios

en comparación con *E. globulus* ssp. *globulus* en el mejor sitio (Resquin et al., 2004). Lo anterior evidencia que el volumen tiene más importancia que la densidad en el rendimiento de celulosa en estas condiciones.

2.2. LOS MODELOS EN EL ANALISIS DE DATOS

2.2.1. El modelo lineal mixto en el mejoramiento forestal

A pesar de que el modelo que sea usado para el análisis de los datos es variable y cambia tanto con el diseño de los cruzamientos como con el diseño experimental a campo, todos los modelos lineales tienen la misma estructura básica. En ellos, el fenotipo observado de un individuo es representado por una función lineal en la cual se incluyen los principales efectos fijos y aleatorios que actúan sobre este, además de las interacciones entre estos efectos (White et al., 2007).

$$\text{Valor Fenotípico} = \text{Efectos Fijos} + \text{Efectos Aleatorios} + \text{Interacciones} + \text{Error}$$

Un factor es considerado fijo en el modelo cuando se considera niveles específicos de ese factor en el experimento. Los niveles de dicho factor además se consideran constantes y sin varianza o covarianza. Son efectos fijos la media poblacional, el efecto del sitio y del bloque. En el análisis de modelos mixtos existen tres tipos de factores considerados fijos; 1) Los efectos de los tratamientos, por ejemplo, niveles de fertilizantes, de niveles de riego, densidad de plantación u otro tratamiento silvicultural; 2) Efectos ambientales asociados al diseño experimental, por ejemplo de la localidad, el año o el efecto del bloque; 3) Efectos genéticos fijos (como la proveniencia de la semilla, o su origen o la generación de selección a la que pertenece). A veces estos efectos genéticos pueden también ser considerados aleatorios (White et al., 2007).

Los factores se consideran aleatorios cuando los niveles considerados en el experimento son solo una muestra de una población mayor y las inferencias que se obtendrán a partir de estos se extrapolarán a la población completa de la que provienen, o a el comportamiento futuro de dicho efecto. Por ejemplo, cuando un número dado de familias de medios hermanos es plantado en una prueba genética para estimar la heredabilidad que será aplicada a la población general de la cual provienen, o cuando se está interesado en el comportamiento futuro de dichas familias de medios hermanos.

Los efectos genéticos tales como el efecto de las familias, los valores de cría y los valores clonales son siempre considerados efectos aleatorios (White et al., 2007).

Se denomina modelo lineal mixto, o simplemente modelo mixto al modelo estadístico lineal que considera efectos fijos y aleatorios conjuntamente (White et al., 2007).

2.2.2. Modelos parentales y modelos individuales

Los modelos parentales fueron los primeros en ser usado para el análisis de datos y han sido muy útiles en el mejoramiento forestal hasta la actualidad. En estos, los efectos genéticos se explicitan en el modelo como los efectos parentales sobre las progenies analizadas y se denominan efectos familiares. Dichos efectos familiares observados y medidos en los ensayos de progenies son relacionados con el progenitor común que poseen. Por ejemplo se sabe que un progenitor pasa la mitad de su valor de cría a su descendencia (White et al., 2007).

Para un ejemplo citado por White et al. (2007), para un experimento con familias de medios hermanos plantados en varias localidades, el modelo estadístico lineal parental es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{ij} + f_k + fs_{ik} + e_{ijk}$$

Donde

μ es el efecto fijo media poblacional (que considera todos las localidades y bloques);

α_i es el efecto fijo del ambiente de la i -ésima localidad, con $i= 1, 2, \dots t$;

β_{ij} es el efecto fijo del j -ésimo bloque dentro de cada localidad, con $j= 1, 2, \dots b_i$;

f_k es el efecto aleatorio de la k -ésima familia de medios hermanos, con $k=1, 2, \dots s$,
 $E(f_k) = 0$, $\text{Var}(f_k) = \sigma^2_f$;

fs_{ik} es el efecto aleatorio de la interacción de la k -ésima familia y la i -ésima localidad $E(fs_{ik}) = 0$, $\text{Var}(fs_{ik}) = \sigma^2_{fs}$;

e_{ijk} es el efecto aleatorio residual de cada árbol en la familia k , el bloque j y localidad i , $E(e_{ijk}) = 0$, $\text{Var}(e_{ijk}) = \sigma^2_e$;

y se asume a las covarianzas entre todos los pares de factores como igual a cero.

Los modelos parentales sin embargo hacen los siguientes supuestos: 1) Los progenitores no están emparentados y no son endogámicos; 2) Los progenitores son una muestra al azar de una población mayor y no una selección; 3) Los progenitores pertenecen a una misma generación o ciclo de selección; 4) Los cruzamientos realizados para obtener las familias del experimento son al azar; 5) Todos los cruzamientos que se realizan pertenecen a un único diseño de entre-cruzamientos (Falconer y Mackay, citados por White et al., 2007).

Los modelos lineales mixtos parentales, cuando los datos cumplen con todas las premisas anteriores, son muy buenos para hacer estimaciones insesgadas de los

componentes de la varianza genética y el valor de cría de los progenitores (Kennedy y Sorensen, citados por White et al., 2007). Pero los modelos parentales tienen la limitante de que solo permiten predecir los valores de cría de los progenitores, limitante que llevó a la aparición de los modelos de árbol individual (Jarvis et al., 2007).

Para solucionar el problema anterior surge la idea de tomar los llamados “modelos animales” usados ya en programas de mejoramiento animal, y a partir de los cuales se desarrolla el modelo de árbol individual. En los modelos de árbol individual, la diferencia radica básicamente en que se incluye el valor de cría de cada árbol individual para su análisis, sustituyendo en el modelo al efecto de la familia “s”. Debido a dicha diferencia, el aumento en el número de datos a analizar y la complejidad del análisis aumenta enormemente. A causa de lo antes dicho, de no ser por el actual desarrollo de la informática el análisis de los datos de los modelos individuales no sería posible (White et al., 2007).

También para el ejemplo citado por White et al. (2007), para un experimento con familias de medios hermanos plantados en varias localidades, el modelo estadístico lineal individual está dado por:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_{ij} + a_{ijk} + f_{sik} + e_{ijk}$$

en donde μ , α_i , β_{ij} , f_{sik} y e_{ijk} tienen el mismo significado que para el modelo parental, y a_{ijk} representa el valor de cría de cada árbol ijk , $E(a_{ijk}) = 0$, $Var(a_{ijk}) = \sigma^2_a$.

En los modelos de árbol individual y con la ayuda de la llamada “matriz de relaciones genéticas aditivas” (donde toda relación de parentesco aditivo entre cualquier par de árboles es explicitado), es posible predecir los valores de cría de los progenitores, de sus ancestros y de la descendencia de la cual se extraen los datos, y esto aun sin necesidad de especificar los efectos de los padres ni los ancestros en el modelo. Esto significa poder obtener los valores de cría de padres, ancestros y descendencia a la misma escala, lo que facilita grandemente la selección (White et al., 2007).

El uso de los modelos de árbol individual con el uso de la matriz de relaciones genéticas aditivas, también facilita el análisis de ensayos clonales y posibilita la inclusión de datos de parentesco provenientes de marcadores moleculares como los QTL (quantitative trait loci) para el análisis conjunto. Actualmente y por las razones anteriores el modelo de árbol individual se presenta como el más promisorio para el futuro (White et al., 2007).

2.3. EL PESO ESPECÍFICO APARENTE BASICO DE LA MADERA EN EL MEJORAMIENTO FORESTAL

2.3.1. Conceptos y definiciones

Es de interés para este trabajo aclarar algunos conceptos como la densidad básica, la “gravedad específica”, el “peso específico real” y el “peso específico aparente”, y así evitar confusiones. Aunque estos son términos que pueden calcularse unos a partir de los otros sin complicación, siendo además diferentes formas de expresar la cantidad de sustancia de madera que está presente, éstos no expresan lo mismo.

2.3.1.1. La gravedad específica y el peso específico

La gravedad específica se define como; la relación entre el peso de un volumen dado de madera y el peso de el mismo volumen de agua. No tiene unidades. Mientras que el peso específico es la relación entre el peso de un volumen dado de madera y el volumen cubico que ocupa. El peso específico se puede expresar tanto en kg/m³, como lb/pie cúbico (Zobel y Talbert, 1992).

$$\text{gravedad específica} = \frac{\text{peso de un volumen dado de madera}}{\text{peso de un volumen igual de agua}}$$

$$\text{peso específico} = \frac{\text{peso de un volumen dado de madera}}{\text{volumen considerado de madera}}$$

El peso específico es una medida de cantidad de materia por unidad de volumen, o sea una forma de expresar la densidad de la madera, la gravedad específica también lo es. Por lo antes dicho, se toma a los conceptos de peso específico y gravedad específica de la madera como comparables a la hora de expresar cantidad de madera por unidad de volumen (Zobel y Talbert, 1992).

2.3.1.2. El peso específico

El peso específico, es una de las propiedades físicas más importantes de la madera al estar correlacionada a la mayoría de las características físicas y mecánicas de la madera (Coronel, 1994). Además el peso específico en la tecnología de la madera se correlaciona a características del producto final, tales como el rendimiento en celulosa, resistencia físico mecánica del papel o en la industria de producción de carbón al rendimiento y calidad del carbón (Shimoyama y Barrichelo, 1989).

El peso específico o densidad específica, se puede expresar de varias formas. Primero, se puede diferenciar entre peso específico real y peso específico aparente,

dependiendo de si se considera el espacio poroso de la madera en la determinación del volumen o no (Tuset y Duran, 2008).

El peso específico real o densidad específica real es equivalente al peso específico de la materia leñosa de la pared celular (descontándose para su determinación todos los espacios huecos interiores, incluidos los capilares) (Coronel, 1994). El peso específico real se calcula como la relación entre, el peso de la madera sólida (sin poros) y el volumen que ocupa (sin poros). Siendo ambos valores medidos en madera anhidra, ya que el contenido de humedad afecta tanto al peso como al volumen de la madera. Generalmente el valor de peso específico real ronda 1.53 g/cc, si se calcula a partir de los pesos específicos de sus principales componentes, la celulosa (1.56 g/cc) y la lignina (1.38 g/cm³ a 1.41 g/cc) (Tuset y Duran, 2008).

El peso específico aparente o densidad específica aparente, se calcula a partir del peso y el volumen de la madera incluyendo poros, y estos valores además se miden en diversas condiciones de contenido de humedad, las que varían según diferentes países, siendo necesario hacer constar las condiciones de humedad que se utilizan según sea el caso. De todas las distintas expresiones de peso específico aparente, se prefiere siempre aquellas que son más fácilmente reproducibles, tales como; “peso específico aparente anhidro (PEAA)”, “peso específico aparente básico (PEAB)” (también llamado “densidad básica”) y “peso específico aparente corriente (PEAC)”. Siendo estos calculados a partir de las siguientes relaciones;

$$\text{PEAA} = \frac{\text{peso de madera anhidra}}{\text{volumen de madera anhidra}}$$

$$\text{PEAB} = \frac{\text{peso de madera anhidra}}{\text{volumen de madera verde}}$$

$$\text{PEAC} = \frac{\text{peso de madera anhidra}}{\text{volumen de madera a 12\% de humedad}}$$

Siendo de estas determinaciones, el peso específico aparente básico (PEAB) de las más usadas. De ellos, el PEAB además de no presentar el inconveniente que significa al PEAA la medición del volumen a 0% de humedad, tiene la ventaja de ser una determinación fácil y práctico de realizar, y sus resultados son fácilmente reproducibles, seguros e invariables, por lo que es una determinación muy útil en estudios y comparaciones científicas (Coronel, 1994). De aquí en mas y luego de haber dejado en claro los conceptos anteriores, se utilizara en este trabajo el concepto de “densidad básica” y el de “peso específico aparente básico” (PEAB), como sinónimos.

2.3.2. La densidad básica de la madera y el mejoramiento forestal

2.3.2.1. La densidad básica como característica de selección

Al elegir que característica se deben incluir en un programa de mejoramiento, se debe tener en cuenta que lo que se intenta es maximizar la ganancia genética por unidad de tiempo en acuerdo con el objetivo del programa. Además, se debe tener la precaución de no incluir demasiadas características para mejorar, ya que con una misma intensidad de esfuerzo, la ganancia lograda para una característica dada, es inversamente proporcional al número de características incluidas por el programa. Por consiguiente, es fundamental limitarse solo a unas pocas características prioritarias y solo una o dos secundarias (White et al., 2007).

Las características prioritarias deben cumplir con los siguientes requisitos; 1) Estar fuertemente correlacionadas con la característica objetivo el programa. 2) Tener una heredabilidad alta. 3) Ser de medición fácil y barata. 4) Ser posibles de determinar en árboles jóvenes. 5) No poseer una correlación genética negativa con otras características prioritarias. Como es muy difícil que todas las características a mejorar por un programa cumplan con todos los requisitos anteriores, se da prioridad a las que estén correlacionadas con el objetivo del programa (White et al., 2007).

La densidad básica es uno de los índices que más viene siendo usado como índice de selección de árboles matrices en programas de mejoramiento con *Eucalyptus* sp. Esto se debe a que es una característica fuertemente relacionada con el objetivo de producción (rendimiento y calidad de pulpa y papel), además de presentar una alta heredabilidad y variabilidad entre individuos. Sin embargo no es una característica realmente rápida ni fácil de determinar (Ferreira, 1970). También, Shimoyama y Barrichelo (1989), destacan la difícil evaluación de la densidad básica (o PEAB) en la fase de selección de árboles superiores. Igualmente la densidad básica es una característica casi ideal para ser usada en programas de mejoramiento, porque presenta elevada variabilidad entre individuos, una reducida interacción genotipo ambiente, elevada correlación con la calidad de la madera, y una alta heredabilidad (la que ronda entre 0.5 y 0.7 tanto para coníferas como latifoliadas) (Zobel y Talbert, 1992).

2.3.2.2. La densidad básica como una propiedad compleja

A pesar de que en la mayoría de los programas de mejoramiento genético se considera al PEAB o densidad básica como una sola propiedad de la madera, esta es realmente una propiedad compleja que está determinada fundamentalmente por tres propiedades de la madera. Dichas propiedades son; proporción de leño tardío dentro de cada anillo de crecimiento, tamaño de la células y grosor de la pared celular (Zobel y Talbert, 1992). Estas se explicaran a continuación:

- 1) Proporción de leño tardío: siendo el leño temprano aquel producido al comienzo de la estación de crecimiento, presentando células de mayor tamaño y paredes

más finas y el leño tardío aquel que se forma al final de la estación de crecimiento y que presenta células más pequeñas y de paredes más gruesas, ocurre que; dentro de individuos de la misma especie que crecen en el mismo lugar con sus raíces entrelazadas, algunos comienzan a producir leño tardío antes o después a lo largo de la estación de crecimiento. El leño tardío tiene mayor densidad básica que el leño temprano. De lo anterior surge que los árboles que comienzan a producir leño tardío más temprano tendrán una mayor proporción del anillo de crecimiento anual constituido por leño tardío (de mayor densidad) y por lo tanto presentaran madera con una mayor densidad básica.

- 2) El tamaño de las células: ocurre que dentro de una especie se puede encontrar individuos con células de mayor tamaño que otros (tanto si se considera el leño tardío como el temprano). Sin considerar que cambie el grosor de la pared celular, individuos con células más grandes tendrán un menor peso específico aparente.
- 3) El grosor de la pared celular: según la definición de Mork, el leño tardío consta de células de paredes de doble grosor, las que son tan gruesas o más que el diámetro del lumen (Mork, citado por, Zobel y Talbert, 1994). Sin embargo el grosor de las células del leño tardío varía notoriamente entre y dentro de individuos de una misma especie, no ocurriendo lo mismo con el grosor de la pared de las células del leño temprano. Por consiguiente los árboles que poseen células de leño tardío de paredes más gruesas tendrán una mayor densidad básica.

En resumen la densidad básica o peso específico aparente básico es una propiedad que resulta de la combinación de las tres anteriores. Pero, a pesar de ser una propiedad compleja, posee una elevada heredabilidad (Zobel y Talbert, 1992).

2.4. ANÁLISIS ESTADÍSTICO

Para la construcción de intervalos de confianza con el fin de comparar medias y varianzas de distintas poblaciones, se puede utilizar diferentes tipos de distribuciones, como z o t de Student (Caballero, 1975). La distribución z es una distribución normal, caracterizada por su media y su varianza, mientras que la distribución t además de media y varianza, utiliza v , grados de libertad. Cuando se dispone de una muestra formada por un número de individuos mayor a 30, se puede utilizar la distribución z , ya que la media muestral es un estimador insesgado de la media poblacional. Si este supuesto no se cumple y el tamaño de muestra es menor, a los efectos de estimación de intervalos de confianza es conveniente utilizar la distribución t , en la cual se considera una familia de curvas, cada una de ellas identificada por los grados de libertad (v).

La variable t de Student se calcula como,

$$t = \frac{\bar{x} - \mu}{S_x^-}$$

donde,

t = variable t de Student

\bar{x} = media muestral

μ = media poblacional

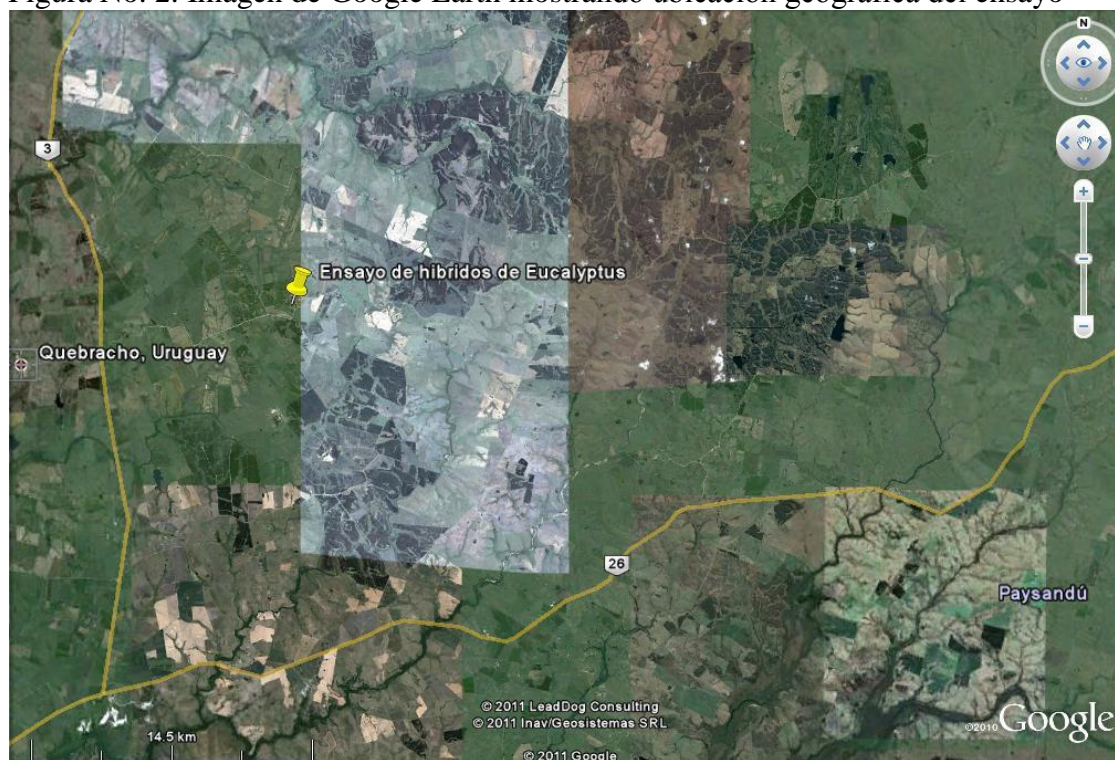
S_x^- = desvío estándar de la muestra.

3 MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. UBICACIÓN DEL ENSAYO

El ensayo fue instalado en el establecimiento “El Carretón”, en la zona de Quebracho, departamento de Paysandú (Uruguay). El establecimiento es propiedad de la empresa Forestal Oriental SA.; el ensayo se encuentra registrado con el número 173 y se ubica en el cuadro X140. Las coordenadas geográficas del ensayo son 31°54’9,962” latitud S 57°45’20,188” longitud O, ver Figura No. 2.

Figura No. 2. Imagen de Google Earth mostrando ubicación geográfica del ensayo

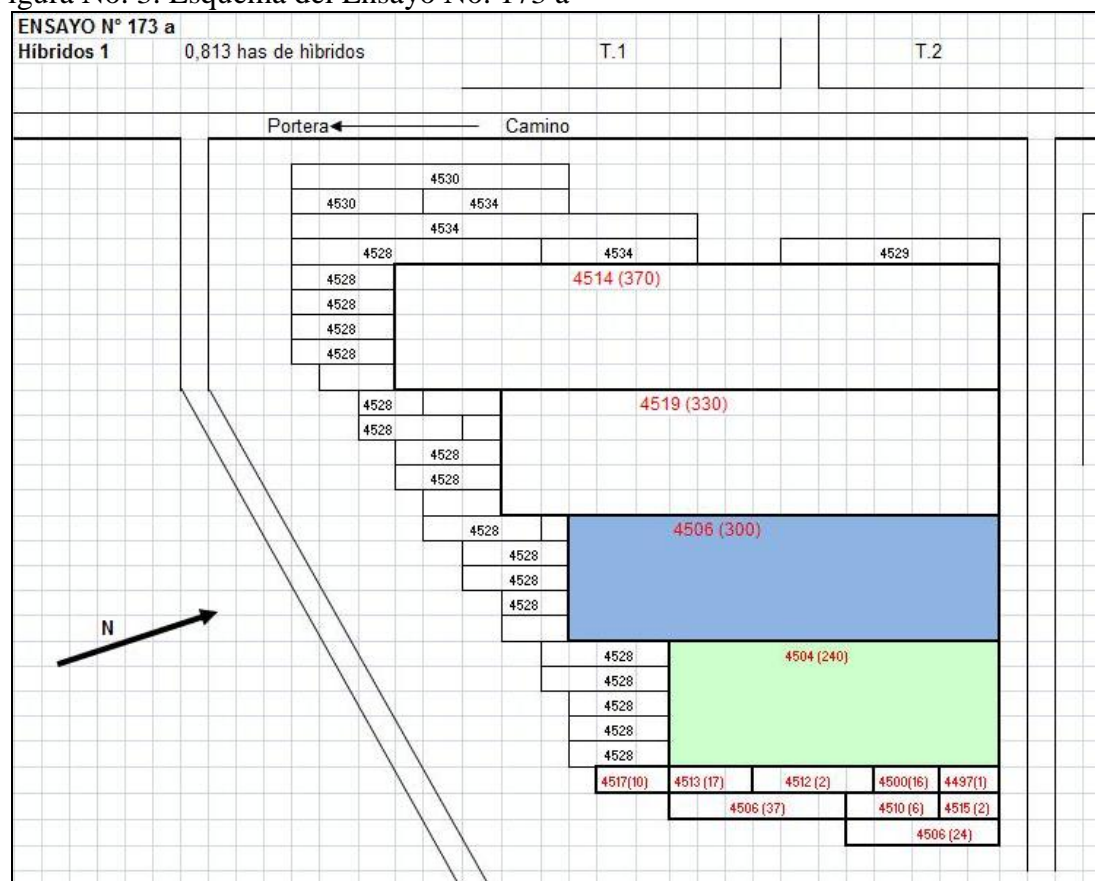


3.2. DESCRIPCIÓN DEL ENSAYO

3.2.1. Instalación y cuidados culturales

El sitio donde se instaló el ensayo fue preparado como se describe a continuación. En primer lugar, se aplicó ensayo el herbicida glifosato en toda la melga a una concentración de 3 lt/ha. Luego se realizó laboreo primario con disquera excéntrica pesada, seguido de laboreo excéntrica liviana, rotovador y acamellonado. Tercero se hizo un control de hormigas sistemático. El ensayo se implantó en la primavera de 2005. Inmediatamente después de la plantación se aplicó herbicida pre-emergente (nombre comercial GOAL); se realizaron tres intervenciones con glifosato en la fila y dos en la entrefila, hasta la edad un año.

Figura No. 3. Esquema del Ensayo No. 173 a

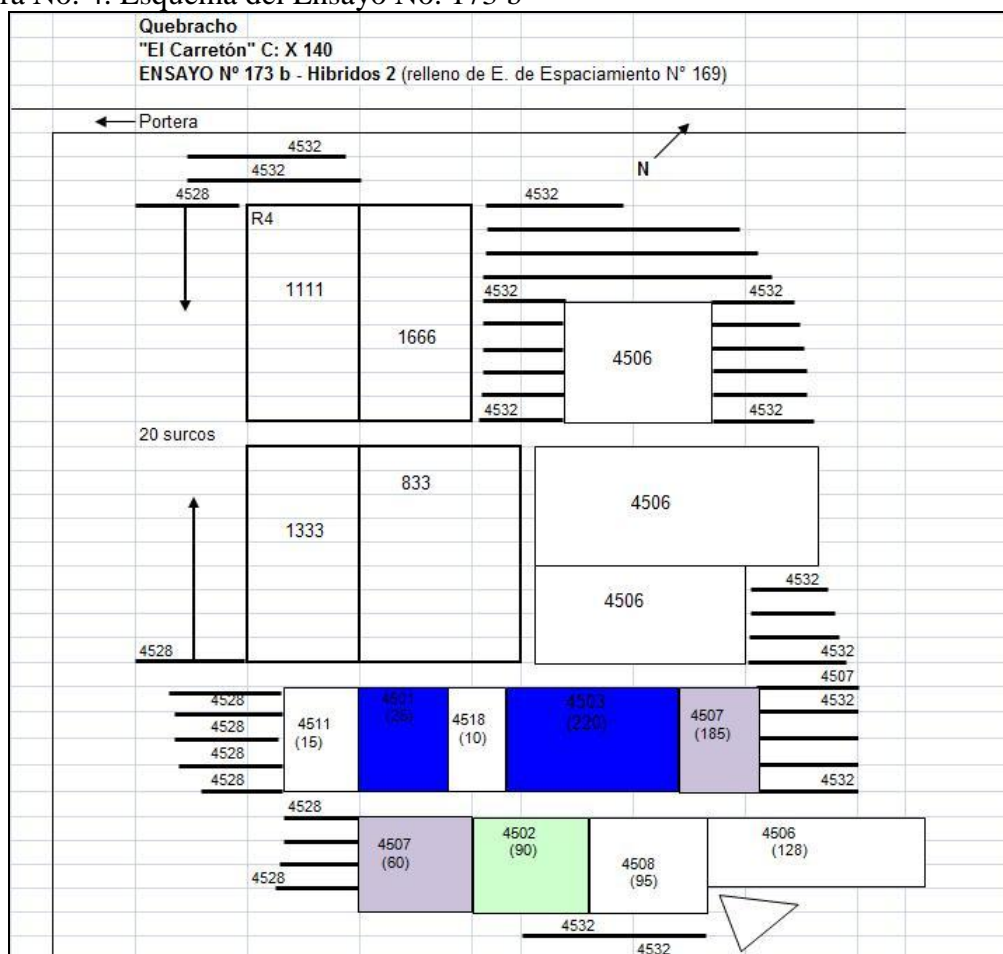


El diseño de la plantación a campo se puede ver en la Figura No. 3 y en la

Figura No. 4. En estos esquemas se indican los cruzamientos, con sus respectivos números en los cuadros coloreados.

Se fertilizó en el momento de la plantación con 60 g/planta de 18 – 46 – 00, repartidos en dos hoyos, a 15 cm a ambos lados de cada planta, a una profundidad de 15 cm se procedió al control de hormigas con recorridas y combate a hormigueros puntuales en caso de que se encontraran, durante los 6 primeros meses luego de la plantación.

Figura No. 4. Esquema del Ensayo No. 173 b



3.2.2. Diseño del ensayo

El ensayo incluye la descendencia de dos individuos F2 seleccionados por sus atributos sobresalientes, caracterizados con marcadores moleculares QTL (1744 QTL y 1689 QTL). Estos en sí mismos provienen de una doble retrocruza entre individuos híbridos selectos de la F1 de *E. grandis* x *E. globulus* con polen selecto de *E. grandis*. Los árboles selectos 1744QTL y 1689QTL fueron cruzados como progenitores masculino y femenino con *E. grandis* y *E. globulus*, dando origen a la progenie de retrocruzas F3 que se evaluó. En el Cuadro No. 1 se detalla la conformación de cada lote.

Cuadro No. 1 Identificación y descripción de los cruzamientos considerados

No. de Lote	Cruzamiento	Descripción del pedigrí del lote	Número de árboles evaluados
4506	gra x 1689QTL	(gra♀x(gra♀x(gra♀x glo♂)♂)♂)	40
4502	1689QTL x gra elite mix	((gra♀x(gra♀xglo♂)♂)♀x gra♂)	27
4501	1689QTL x glo/glo mix chile	((gra♀x(gra♀xglo♂)♂)♀x glo♂)	1
4507	gra x 1744QTL	(gra♀x(gra♀x(gra♀xglo♂)♂)♂)	32
4504	1744QTL x gra elite mix	((gra♀x(gra♀xglo♂)♂)♀xgra♂)	30
4503	1744QTL x glo/glo mix chile	((gra♀(gra♀xglo♂)♂)♀xglo♂)	17

Entre paréntesis rojos (♀x♂) el cruzamiento que da lugar a F1

Entre paréntesis azules (♀x(♀x♂)♂) los cruzamientos que dan lugar a F2

Entre paréntesis verdes ((♀(♀x♂)♂)♀x♂) los cruzamiento que dan lugar al híbrido complejo de retrocruzas F3 que se evaluó

Los cruzamientos son denominados nombrando al progenitor femenino en primer lugar y al masculino en segundo término. La descripción de los cruzamientos que dieron origen a cada lote debe leerse desde el centro (cruzamiento entre paréntesis rojos) hacia la periferia (cruzamiento entre paréntesis verdes). A modo de ejemplo, la F1 correspondiente al lote 4506 se obtuvo del cruzamiento de *E. grandis* selectos como progenitores femeninos con el individuo selecto 1689QTL como progenitor masculino. La descripción de su pedigrí es la siguiente: entre paréntesis rojos, la F1 generada a partir de *E. grandis* como progenitor femenino y *E. globulus* como progenitor masculino. Entre paréntesis azules se muestra el cruzamiento que da origen a la F2, es decir la F1 utilizada como progenitores masculinos, con *E. grandis* selectos como progenitores femeninos. Por último, entre paréntesis verdes aparece el cruzamiento que origina la F3, en otras palabras la F2 utilizada como progenitores masculinos para polinizar *E. grandis* selectos como progenitores femeninos.

3.3. CARACTERIZACIÓN DE LOS RECURSOS NATURALES DEL SITIO

3.3.1. Caracterización geológica

El ensayo, ubicado en la localidad de Algorta se encuentra sobre la formación Asencio. Esta unidad fue redefinida por Ford y Gancio, citados por Bossi et al. (1998) como una formación haloestratigráfica, que corresponde a los materiales resultantes de muy intensos procesos pedogenéticos y de alteración sufridos por distintas litologías, en particular por las de Mercedes, pero que incluye además rocas graníticas e incluso basaltos. Se incluye las denominadas areniscas del Palacio, areniscas de Asencio y la parte superior de la formación Asencio. Estas litologías son cubiertas discordantemente por las formaciones Palmitas, Raigón, Libertad y principalmente por Fray Bentos. Dado lo reciente de la definición de este fenómeno, no se dispone de datos ciertos que determinen su potencia, distintas estimaciones lo sitúan en el orden de los 10 m (Bossi et al., 1998).

Según Ford y Gancio, citados por Bossi et al. (1998), se define un perfil integrado desde la base por areniscas finas a medias amarillentas, macizas, muy arcillosas con moteados y concreciones de óxidos de hierro, los que aumentan su participación hasta formar en una coraza de ferrificación en la parte superior de la secuencia, de un color rojo hematítico. La mayoría de estas corazas han sufrido además procesos diagenéticos secundarios de silicificación. En las litologías inferiores hay claros indicadores de la existencia de paleosuelos, como la presencia de pedotúbulos, glébulos, cutanes de arcilla y óxidos ferriargilanes de iluviación. Además en algunas localidades muestran la existencia de columnas en la que se desarrollan los fenómenos de concrecionamiento hematítico en forma decreciente.

3.3.2. Caracterización edafológica

Para la caracterización edafológica del suelo en el sitio donde se implantó el ensayo, se recopiló información de la carta de reconocimiento de suelos del Uruguay (Altamirano et al., 1976), CONEAT y una descripción de suelos proporcionada por la empresa Forestal Oriental.

Según la carta de reconocimiento de suelos del Uruguay, este ensayo que se encuentra en la zona de Quebracho pertenece a la unidad de suelos de Algorta. La unidad Algorta posee una superficie de 135194 ha y los materiales generadores de sus suelos son sedimentos arcillo-arenosos cuaternarios de removilización de materiales cretácicos.

El relieve de esta unidad es de lomadas suaves, con interfluvios de lomadas suaves, pero en la zona de Quebracho (Paysandú) posee interfluvios de lomadas fuertes asociados a escarpas.

Los suelos dominantes de la unidad de Algorta son Argisoles Dísticos Óricos Abrúpticos Típicos Ar hidromórficos, húmicos y Planosoles Dísticos Óricos

Melánicos Ar hidromórficos (húmicos) asociados a las laderas de mayor pendiente. Por otra parte, los suelos asociados son Brunosoles Subéutricos Dústricos Típicos Ar/Ar Fr hidromórficos, que se encuentran sobre las laderas de menor pendiente.

Las características inferidas y asociadas de los suelos dominantes de esta unidad son; pendiente, moderada; rocosidad y pedregosidad, nulas; reacción, moderada a ligeramente ácida; fertilidad natural, muy baja; permeabilidad, moderadamente lenta a lenta; drenaje, moderado a imperfecto; riesgo de sequía, bajo; riesgo de erosión bajo agricultura, medio.

Los principales factores limitantes para el uso de los suelos dominantes de esta unidad son su fertilidad, su estructura y su riesgo de erosión.

Según URUGUAY. MGAP. CONEAT (2000), el padrón donde se ubica el ensayo (6212) se encuentra sobre el grupo de suelos 9.2 y 9.3 y posee un índice de productividad final de 84.

Los suelos del grupo 9.2, clasificados como AP, son considerados aptos para la producción de pasturas pero con muy severas limitaciones para otros cultivos. Pueden o no ser tierras para cultivos forestales. A continuación se describen las principales limitantes de uso de este grupo para especies forestales. Estos suelos presentan mínima resistencia a la erosión bajo cultivo; se recomienda en consecuencia no laborear los desagües. Presentan déficit de oxígeno, lo que se puede subsanar con especies adaptadas. Por último, las condiciones de enraizamiento pueden ser limitantes; el espacio para las raíces es restringido.

Los suelos 9.3, en la categoría A3 (Tierras cultivables con severas limitaciones), tienen una muy baja resistencia a la erosión; deben tomarse precauciones en su preparación. La caída de fertilidad por deterioro de la materia orgánica es significativa, por lo que deben tomarse medidas de conservación, entre otras el manejo de residuos de cosecha y la corrección del nivel de nutrientes por fertilización. Estos suelos pueden tener problemas de anegamiento y deficiencia de oxígeno.

La descripción de los suelos de la parcela 2325, donde se sitúa el ensayo, suministrada por Forestal Oriental S.A., fue realizada a partir de perforaciones con taladro holandés y calicatas cavadas con pala (Anexo 1). El sitio se clasifica geomorfológicamente como lomada, se posiciona en la parte alta de una ladera convexa sobre unidad de mapeo y CONEAT Algorta 9.3, y sobre material geológico areno arcilloso vinculado al Cretácico. Se le adjudica un uso del suelo de plantación de bosques de rendimiento, de *Eucalyptus*, con incremento medio anual moderado a moderadamente alto. La profundidad de la napa de agua es de aproximadamente tres metros. La erosión actual es laminar de grado 1, no se presenta predregosidad ni rocosidad y su clasificación tentativa es la de Planosol Dústrico Melánico.

3.3.3. Caracterización climática

En el Cuadro No. 2 se presentan datos estadísticos climatológicos proporcionados por la Dirección Nacional de Meteorología para el departamento de Paysandú. En él se presenta el registro de las variables que se seleccionó por considerarse de mayor interés. Estas variables fueron; temperaturas medias, temperaturas máximas medias, temperaturas mínimas medias, temperaturas mínimas absolutas y de precipitaciones acumuladas mensuales medias, tanto mensuales como anuales.

Cuadro No. 2 Datos estadísticos climatológicos para el departamento de Paysandú.

Mes	Temperatura media, mensual o anual (°C)	Temperatura máxima media, mensual o anual (°C)	Temperatura mínima media, mensual o anual (°C)	Temperatura mínima absoluta del período, mensual o anual (°C)	Precipitación acumulada mensual media, mensual o anual (°C)
Ene	24.8	31.5	18.3	8	100
Feb	23.7	30.0	17.6	7.8	131
Mar	21.6	27.6	15.7	5	147
Abr	18.0	23.9	12.5	1.2	103
May	14.8	20.4	9.6	-4.5	77
Jun	11.7	16.8	6.9	-4	70
Jul	11.8	16.9	7.1	-4	71
Ago	12.9	18.5	7.5	-3	73
Set	14.6	20.5	8.8	-3.4	91
Oct	17.5	23.5	11.6	1.8	122
Nov	20.4	26.4	14.1	2.2	118
Dic	23.1	29.7	16.8	7	115
ANUAL	17.9	23.8	12.2	-4.5	1218
PERÍODO	1961-90	1961-90	1961-90	1961-92	1961-90

Fuente: elaboración propia en base a la información disponible en URUGUAY. MDN. DNM (2011).

En el gráfico de la se observa que el mes con la temperatura media más baja para el período fue junio. A la vez se observa que el mes con la temperatura media más alta fue enero. Puede destacarse además que ningún mes posee una temperatura media mensual mayor a 25°C ni menor a 11.5°C.

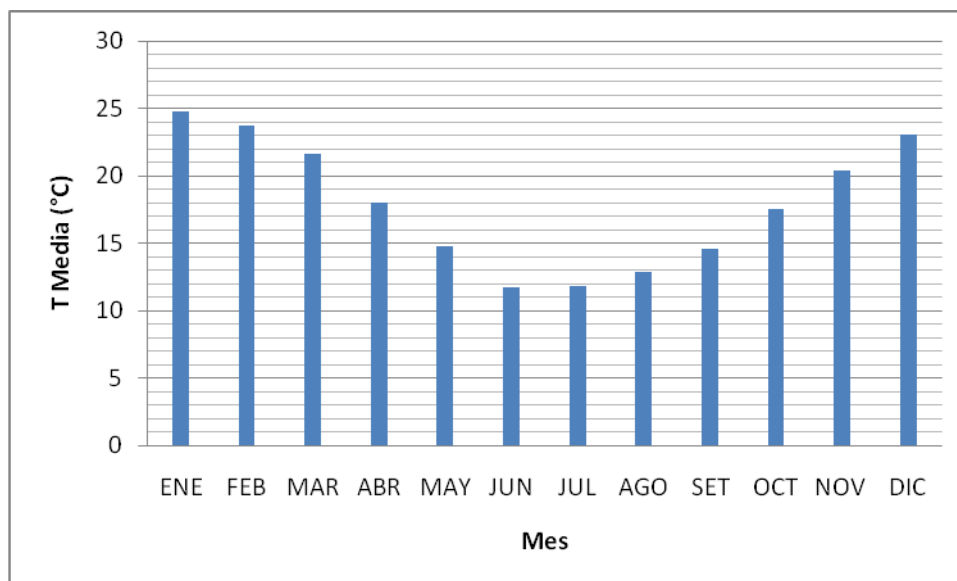


Gráfico No. 1. Evolución de las Temperaturas Medias mensuales a lo largo del año para el periodo 1961-90, registradas en la Estación Meteorológica de Paysandú.

Fuente: elaboración propia en base a la información disponible en URUGUAY. MDN. DNM (2011)

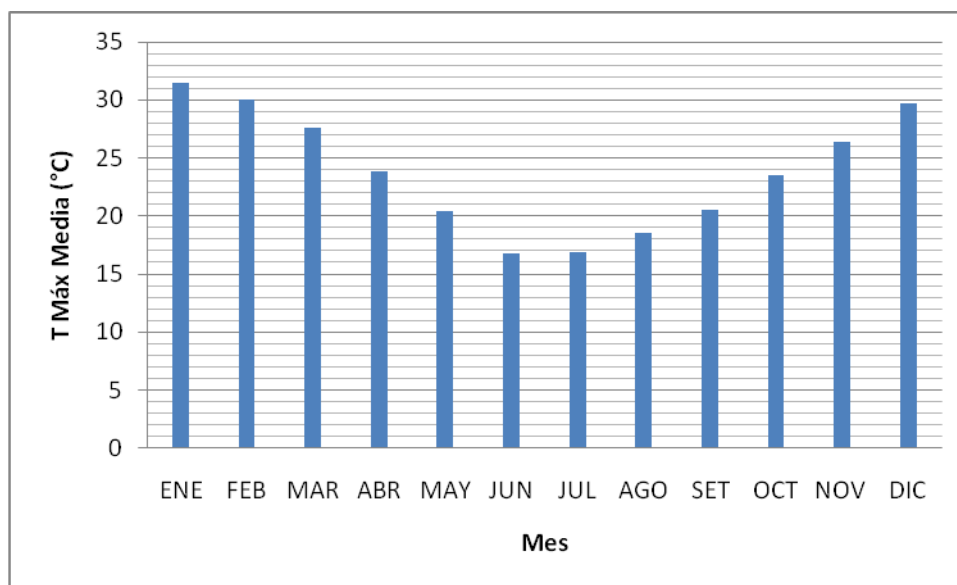


Gráfico No. 2. Evolución de las temperaturas máximas medias mensuales a lo largo del año para el periodo 1961-90, registradas en la estación meteorológica de Paysandú.

Fuente: elaboración propia en base a la información disponible en URUGUAY. MDN. DNM (2011)

Se observa en el que, el mes con la temperatura máxima media más baja para el período fue junio; también se observa que el mes con la temperatura máxima media más elevada fue enero. Puede destacarse además que ningún mes posee una temperatura máxima media mensual mayor a 31.5°C ni menor a 16.8°C.

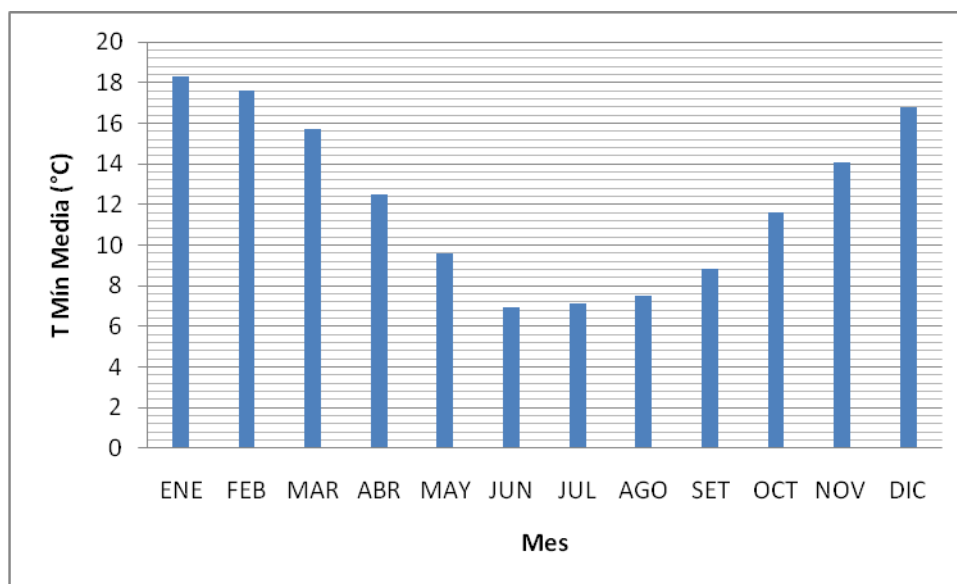


Gráfico No. 3. Evolución de las temperaturas mínimas medias mensuales a lo largo del año para el periodo 1961-90, registradas en la estación meteorológica de Paysandú

Fuente: elaboración propia en base a la información disponible en URUGUAY. MDN. DNM (2011)

En el gráfico de la Gráfico No. 3 se observa que el mes con la temperatura mínima media más baja para el período fue junio y el mes con la temperatura mínima media más alta fue enero. Puede apreciarse además que en ningún mes se presenta una temperatura mínima media mensual mayor a 18.3°C ni menor a 6.7°C.

La temperatura media anual para el periodo es 17.9 °C. Además es importante destacar que, si bien no se registró mes alguno con temperatura máxima media mayor a 31.5°C ni mínima media menor a 6.7°C, sí se pudo registrar temperaturas mínimas absolutas menores a 0°C desde mayo hasta setiembre, observándose los menores valores (de hasta -4.5°C) entre mayo y julio para el período.

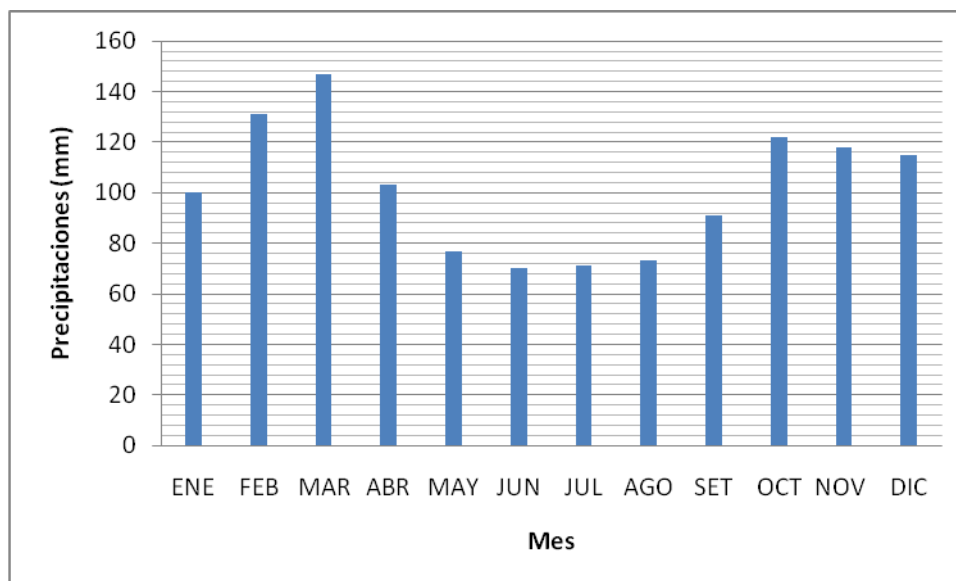


Gráfico No. 4 Evolución de las precipitaciones acumuladas mensuales medias a lo largo del año para el período 1961-90, registradas en la estación meteorológica de Paysandú

Fuente: elaboración propia en base a la información disponible en URUGUAY. MDN. DNM (2011)

En el Gráfico No. 4 se observa que, respecto a precipitaciones acumuladas mensuales medias, el mes con valores más bajos para el período fue junio y que el mes con valores más altos fue marzo. Puede apreciarse además que ningún mes tuvo precipitaciones acumuladas mensuales medias mayores a 147 mm ni menores a 70 mm. Además, las precipitaciones acumuladas mensuales medias por año suman un total de 1218 mm anuales para el período.

3.4. METODOLOGIA DE TRABAJO

3.4.1. Selección de los árboles a muestrear

Para cada parcela o lote, se muestreó un número variable de individuos, entre 18 y 40, elegidos al azar dentro de la clase de copa co-dominante. Por tratarse de híbridos complejos, producto de al menos tres retro-cruzas, que presentan una gran dispersión fenotípica, se procuró evitar árboles con las siguientes características; a) extremadamente alejados del promedio, tanto en tamaño como en forma (entre otras, grosor, número y ángulo de inserción de ramas, horquetas); b) con problemas sanitarios evidentes y c) con inclinación del fuste respecto a la vertical.

Las mencionadas restricciones en el muestreo se hicieron para no introducir al análisis fuentes de variación tales como la madera de tensión, madera deteriorada y desarrollos no correspondientes a una población regular defectuosos u oprimidos (Fonseca, citado por Igartúa et al., 2002). Los árboles seleccionados se marcaron

utilizando una cinta de papel rojo especial para dicha función y se numeraron escribiendo con marcador indeleble en la cinta misma.

3.4.2. Medición de los caracteres a campo

Luego de seleccionar los árboles, se procedió a medir y registrar en forma directa a campo las siguientes variables dasométricas cuantitativas:

- a) circunferencia a la altura de pecho (CAP), medida con cinta diamétrica;
- b) espesor radial de corteza (Ec), medido con regla sobre muestra tomada con sacabocado;
- c) altura total (HT), medida con Hipsómetro Vertex.

Posteriormente a los árboles seleccionados se les extrajo una probeta de incremento radial en forma transversal al fuste y a la altura del pecho (1.30 m). Para la extracción de las probetas de incremento radial se utilizó un calador motorizado portador de mechas huecas que permitían obtener piezas cilíndricas de 13 mm de diámetro. Las probetas de incremento radial se numeraban con un marcador indeleble con el mismo número del árbol del que provenían. Como el fin de dichas probetas era el posterior cálculo del peso específico aparente básico (PEAB), inmediatamente seguido a su extracción se disponía a guardarlas en rejillas especiales (construidas para portar probetas de incremento radiales) y se introducían en bateas plásticas llenas de agua para evitar la desecación de los mismos durante el tiempo que transcurriera hasta su llegada al laboratorio.

3.4.3. Cálculos de laboratorio

3.4.3.1. Espesor diametral de corteza

A partir de las medidas de espesor radial de corteza tomadas a campo se obtuvo el espesor diametral de corteza, multiplicando los datos por 2.

3.4.3.2. Estimación del volumen

El volumen total fue estimado a partir de CAP y Ht. El volumen del fuste de los árboles normalmente se estima asimilando la forma de éstos al volumen simple de un sólido de revolución, en este caso el de un cono truncado. El volumen total se estimó mediante la siguiente fórmula,

$$V_{t\ sc} = \frac{\pi}{4} DAP_{sc}^2 H_T 0.5$$

donde,

$V_{t\ sc}$ = Volumen total sin corteza

DAP_{sc} = diámetro a la altura del pecho sin corteza(m)

H_T = Altura total (m)

FF = Factor de forma, que se supuso equivalente a 0.5

El factor de forma se estima comúnmente para cada especie y sitio forestal en particular. En este caso, debería evaluarse factor de forma a los efectos de considerar, además de clase diamétrica y sitio, relativamente uniforme, los lotes como fuente de variación. El estudio de los factores de forma de los híbridos escapa del alcance del presente trabajo.

3.4.3.3. Estimación del peso específico aparente básico

Las probetas de incremento radial extraídas a campo fueron conservadas dentro de bateas con agua, apoyadas en rejillas especiales para mantenerlas en posición vertical; se cambió el agua a diario. Todas las probetas de incremento radial se mantuvieron en agua dos días hasta terminar el trabajo de campo.

Inmediatamente se determinó el volumen verde, por el método de desplazamiento de agua. Para esto se disponía la probeta de incremento radial fijada por un alambre rígido dentro de un recipiente de vidrio de peso conocido, conteniendo agua destilada sobre una balanza. Se calculaba al volumen de la probeta como el equivalente a la diferencia de peso ocurrida antes y después de sumergir el probeta en el agua (asumiendo que la densidad del agua destilada es igual a 1 g/cm³).

Luego se dispusieron las probetas de incremento radial en rejillas de aluminio para que se secaran, dentro de una estufa a una temperatura de 105 ± 5 °C. Se pesó una muestra de dichas probetas luego de 24 horas de estar en la estufa y posteriormente cada dos horas, hasta obtener dos medidas de peso iguales. Luego se retiraron todas las muestras y se las dejó enfriar dentro de un recipiente plástico de cerrado hermético, lleno de sílica-gel, para prevenir la reabsorción del agua del aire, hasta igualar la temperatura ambiente. Al día siguiente, se registró el peso anhidro para todos las probetas a temperatura ambiente.

Se calculó densidad básica utilizando los valores de volumen verde y peso anhidro.

3.4.3.4. Análisis de datos

El diseño de plantación del ensayo a campo no siguió un patrón definido. Se decidió en consecuencia comparar las medias de los diferentes tratamientos a través de intervalos de confianza. Para el cálculo de dichas medias y su intervalo se utilizó el programa Microsoft Excel.

4 RESULTADOS Y DISCUSION

A continuación se presentan los resultados de análisis de las variables estudiadas, *a saber*. diámetro a la altura del pecho (DAP), espesor diametral de corteza (Ec diametral), Altura total (Ht), Volumen total sin corteza (Vt s/c aparente) y Peso específico aparente básico o Densidad básica (PEAB) de la madera. Se calcularon valores de media, varianza, error estándar e intervalo de confianza con distribución t de Student (90% de confianza y $n-1$ grados de libertad) para cada lote.

4.1. DIÁMETRO A LA ALTURA DEL PECHO

Entre los lotes evaluados se procedió a comparar diferencias en DAP entre familias. En el Gráfico No. 5 se observa que los lotes 4503 y 4507 presentaron los mayores diámetros promedio; asimismo, estos lotes presentaron los mayores desvíos estándar. Por otro lado a los lotes que presentaron menor variación en DAP, corresponden menores valores promedio de esta variable (ver Cuadro No. 3).

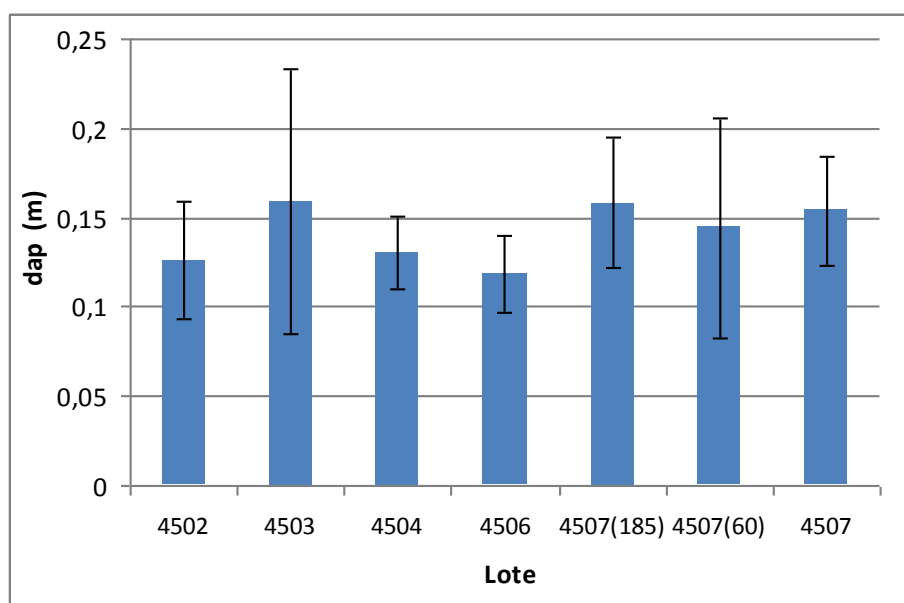


Gráfico No. 5. Estimación del diámetro a la altura del pecho promedio con corteza e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.

Se observa la tendencia de que los lotes que provienen de madres *E.grandis* poseen mayor DAP promedio que el resto. Estos resultados son similares a los observados por Bentancor y Romero (2009), en los que híbridos primarios con madres *E. grandis* presentaron mayores DAP.

Cuadro No. 3. Parámetros estadísticos de diámetro a la altura del pecho según lote

Lote	Número de individuos	DAP promedio (m)	Varianza DAP	desvío estándar	<i>t</i> (90%; <i>n-1</i> g.l.)	LI	LS
4502	27	0,126	0,000169	0,003	1,705618	0,122	0,130
4503	17	0,159	0,000410	0,005	1,745884	0,151	0,168
4504	30	0,130	0,000114	0,002	1,699127	0,127	0,134
4506	40	0,119	$7,16 \times 10^{-5}$	0,001	1,684875	0,116	0,121
4507(185)	23	0,158	0,000261	0,003	1,717144	0,152	0,164
4507(60)	9	0,144	0,000203	0,005	1,859548	0,136	0,153
4507	32	0,154	0,000245	0,003	1,695519	0,149	0,159

4.2. ESPESOR DIAMETRAL DE CORTEZA

Entre los lotes evaluados se procedió a comparar diferencias en Edc entre familias. En el Gráfico No. 6 se diferencian significativamente tres grupos por sus intervalos de confianza. El primero comprende a las familias 4502, 4503 y 4507 (tanto si se considera como el promedio de sus dos parcelas como por separado) que poseen el mayor espesor diametral de corteza. En segundo lugar aparece la familia 4504 en una posición intermedia y finalmente se observa a la familia 4506 presentando el menor espesor diametral de corteza.

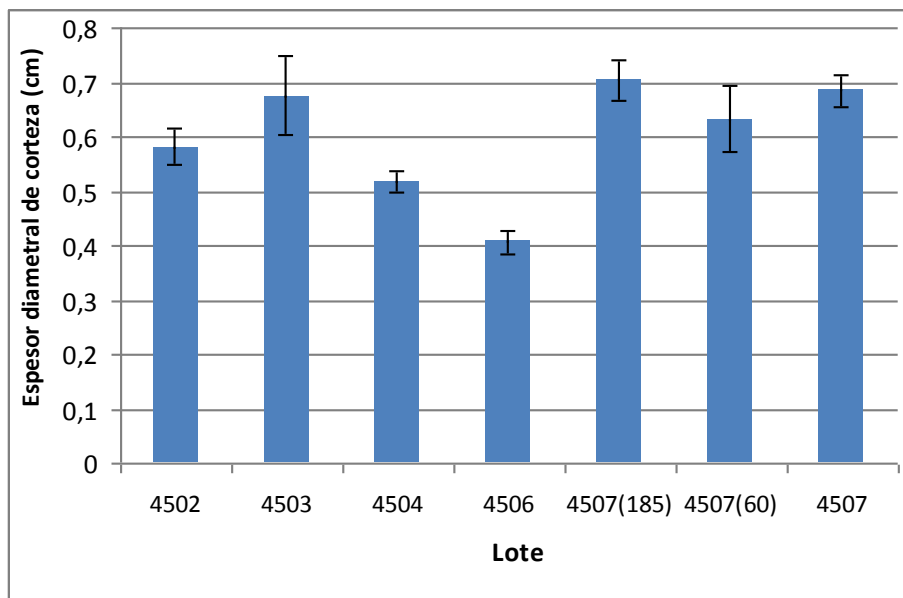


Gráfico No. 6 Estimación del espesor diametral de corteza promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.

Se observa una tendencia general de las familias descendientes de QTL1689 (4502 y 4506) a tener un menor espesor diametral de corteza. Por otra parte, las familias que tienen como progenitor común a QTL1744, presentan valores altos de espesor diametral de corteza, exceptuando 4504. A la vez también parecería haber una tendencia de las familias que presentan los mayores volúmenes promedio a presentar mayores espesores diametrales de corteza (Gráfico No. 6).

Cuadro No. 4. Parámetros estadísticos de espesor diametral de corteza según lote

Lote	Número de individuos	Espesor diametral de corteza promedio (cm)	Varianza espesor diametral de corteza	desvío estándar	t (90%; $n-1$ g.l.)	LI	LS
4502	27	0,58	0,0100	0,02	1,705618	0,55	0,61
4503	17	0,68	0,0307	0,04	1,745884	0,60	0,75
4504	30	0,52	0,0042	0,01	1,699127	0,50	0,54
4506	40	0,41	0,0064	0,01	1,684875	0,39	0,43
4507(185)	23	0,70	0,0104	0,02	1,717144	0,67	0,74
4507(60)	9	0,63	0,0100	0,03	1,859548	0,57	0,70
4507	32	0,68	0,0103	0,02	1,695519	0,65	0,71

4.3. ALTURA TOTAL

Entre los lotes evaluados se analizó diferencias en Ht entre familias solamente. Se observó una tendencia a que los descendientes de QTL1689 (4502 y 4506) presentaran los menores valores promedio de Ht (Gráfico No. 7), en comparación con los descendientes de QTL1744 (lotes 4503, 4504 y 4507).

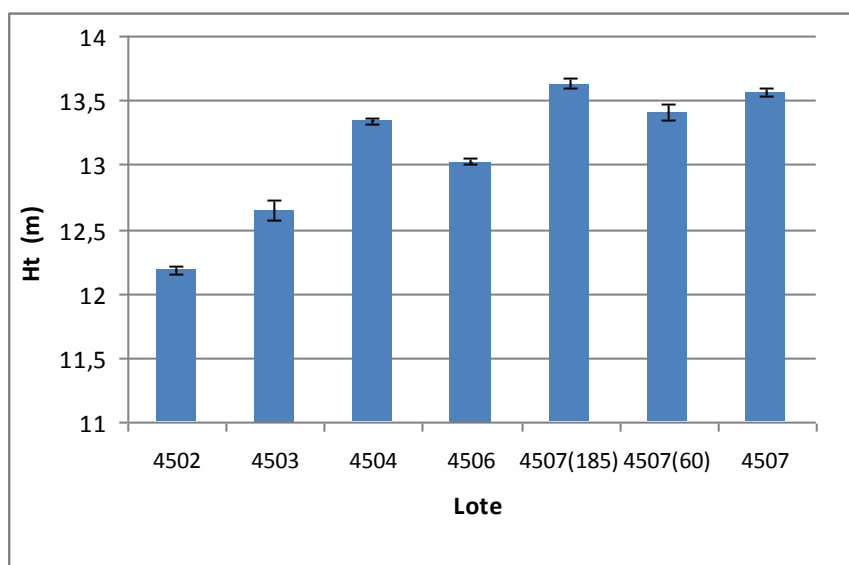


Gráfico No. 7 Estimación de la altura total promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.

Es importante destacar que, de todas las variables evaluadas, Ht es la que presentó menor variabilidad dentro de cada familia (Cuadro No. 5).

Cuadro No. 5. Parámetros estadísticos de altura total según lote

Lote	Número de individuos	Altura total (m)	Varianza altura total	desvío estándar	t (90%; $n-1$ g.l.)	LI	LS
4502	27	0,55	0,80	0,17	1,705618	11,88	11,88
4503	17	0,60	0,65	0,20	1,745884	12,31	12,31
4504	30	0,50	0,84	0,17	1,699127	13,06	13,06
4506	40	0,39	0,43	0,10	1,684875	12,85	12,85
4507(185)	23	0,67	0,39	0,13	1,717144	13,41	13,41
4507(60)	9	0,57	0,50	0,24	1,859548	12,98	12,98
4507	32	0,65	0,42	0,11	1,695519	13,38	13,38

4.4. VOLUMEN TOTAL

Entre los lotes evaluados se pueden analizar diferencias en V_t s/c entre familias y entre árboles individuales. Como se observa en el Gráfico No. 8, podemos separar a las familias en tres grupos significativamente distintos según su rendimiento volumétrico promedio. En primer lugar, se destacan con mayor volumen promedio las familias 4503 y 4507 (considerando a esta última con valor promedio de las parcelas 4507 (60) y la 4507 (185)). En segundo orden se encuentra la familia 4504, que ocupa una posición intermedia. Finalmente y con el menor rendimiento, tenemos las familias 4502 y 4506.

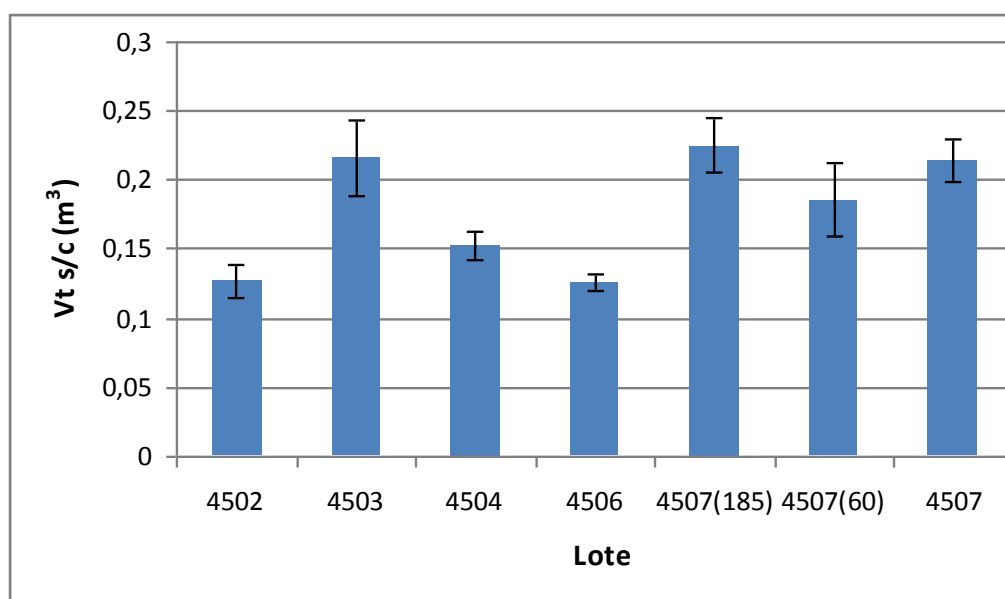


Gráfico No. 8 Estimación del volumen total sin corteza promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.

Es de importante señalar que el volumen superior de las los lotes 4503 y 4507 se explica por dos razones distintas. En el caso de 4503 se debe principalmente los valores de DAP superiores, en cambio 4507 se destaca por sus valores de Ht. Si se tiene en consideración que la altura es un variable dasométrica muy dependiente del sitio, en el caso del lote 4507 sería importante seguir investigando sobre el comportamiento de dicho lote en otros sitios.

Las dos familias que presentan el mayor volumen promedio (4503 y 4507), poseen el mismo progenitor QTL1744. Este actúa como progenitor masculino apareado con *E. globulus* en la familia 4503 y como progenitor femenino apareado con *E. grandis* en la familia 4507 (Gráfico No. 8). No se constata la tendencia citada por Bentancor y Romero (2009) a que los descendientes de madre *E. grandis* tuviesen mayor volumen. Por otra parte QTL1744, actúa como progenitor masculino en el cruzamiento con *E.*

grandis, dando lugar a la familia 4504, que presenta un Vt s/c intermedio. Finalmente las dos familias que presentan menores rendimientos volumétricos son las que involucran al progenitor QTL1689, que actuó tanto de progenitor masculino como femenino al cruzarse con *E. grandis*. Los datos se pueden observar en detalle en el Cuadro No. 6.

Cuadro No. 6. Parámetros estadísticos de volumen total sin corteza según lote

Lote	Número de individuos	Volumen total sin corteza (m ³)	Varianza Volumen total sin corteza	desvío estándar	t (90%; n-1 g.l.)	LI	LS
4502	27	0,127051	0,001296	0,006929	1,705618	0,115232	0,138870
4503	17	0,215777	0,004254	0,015818	1,745884	0,188161	0,243393
4504	30	0,153092	0,001070	0,005972	1,699127	0,142946	0,163239
4506	40	0,125803	0,000453	0,003365	1,684875	0,120133	0,131474
4507(185)	23	0,224985	0,002933	0,011293	1,717144	0,205594	0,244377
4507(60)	9	0,185566	0,001881	0,014457	1,859548	0,158682	0,212450
4507	32	0,213899	0,002653	0,009105	1,695519	0,198462	0,229336

A nivel de los árboles individuales dentro de cada familia, se observó lo siguiente. En el Cuadro No. 7 se presenta un listado de los diez mejores árboles según su volumen individual.

Cuadro No. 7 Listado de los diez mejores árboles según volumen individual

Arbol	Lote/ familia	Vt s/c m ³	DAP (cm)	Ht (m)	PEAB (kg/m ³)
1	4503	0.362883	20.5	13.5	448.7
2	4503	0.344706	19.6	13.25	458.9
3	4507 (185)	0.337171	19.6	13.25	439.0
4	4507 (185)	0.315881	18.0	14.25	434.7
5	4507 (185)	0.302829	18.5	13.5	468.6
6	4507 (185)	0.297583	17.8	13.75	466.9
7	4507 (185)	0.284054	17.0	15.25	457.9
8	4503	0.263087	17.5	13.25	467.0
9	4507 (185)	0.260771	16.6	14.0	444.7
10	4507 (185)	0.259664	16.5	14.5	511.1

Todos estos árboles poseen volúmenes que superan los 0.259664 m³. Por otro lado, dichos individuos presentan DAP mayores a 16.5 cm y Ht superiores a 13.25 m. Se aprecia también que los diez pertenecen a los lotes 4507(185) y 4503.

4.5. PESO ESPECÍFICO APARENTE BÁSICO

Se analizó diferencias en PEAB entre familias y entre árboles individuales. En primer lugar y tomando en cuenta a los distintos lotes en su conjunto, podemos destacar varias observaciones.

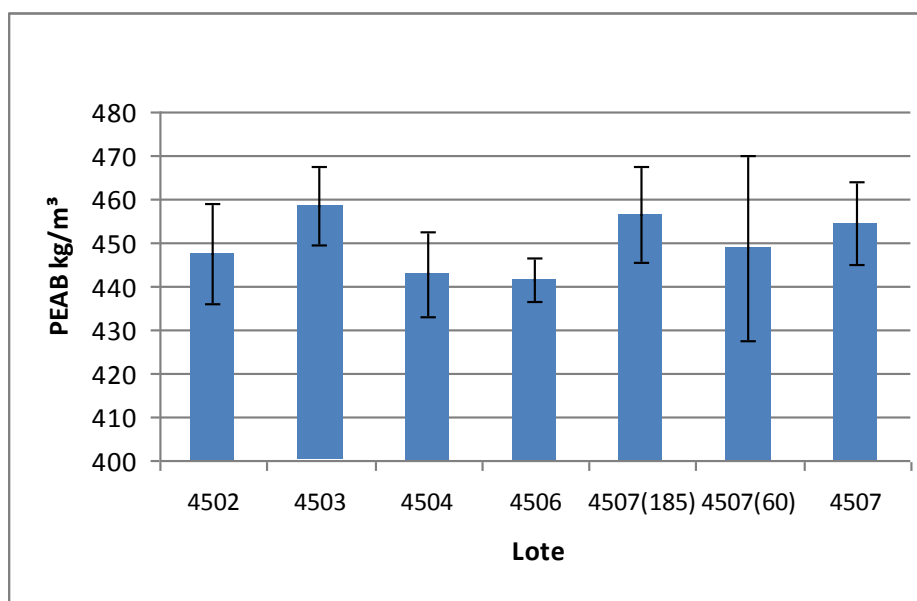


Gráfico No. 9 Estimación del peso específico aparente básico promedio e intervalo de confianza según lote a los 3 años de edad.

En general, no se aprecian diferencias significativas entre las familias (Gráfico No. 9), dado que, exceptuando los lotes 4503 y 4506, los intervalos de confianza de sus medias se superponen parcialmente. Sin embargo, se puede apreciar una tendencia a que las familias 4503 y 4507 presenten un mayor PEAB promedio.

Cuadro No. 8. Parámetros estadísticos de peso específico aparente básico según lote

Lote	Número de individuos	Peso específico aparente básico (kg/m ³)	Varianza peso específico aparente básico	desvío estándar	t (90%; n-1 g.l.)	LI	LS
4502	27	447,5	1185,43	6,6	1,705618	436,2	458,8
4503	17	458,6	451,96	5,2	1,745884	449,6	467,6
4504	30	442,8	953,53	5,6	1,699127	433,2	452,4
4506	40	441,4	330,45	2,9	1,684875	436,6	446,3
4507(185)	23	456,5	953,90	6,4	1,717144	445,5	467,6
4507(60)	9	448,8	1168,41	11,4	1,859548	427,6	470,0
4507	32	454,4	1011,10	5,6	1,695519	444,8	463,9

Además de las comparaciones de PEAB promedio entre los lotes, es interesante ver lo que sucede a nivel de los mejores árboles individuales. En el Cuadro No. 9 se muestran los diez individuos con mayor PEAB en el conjunto de las familias evaluadas.

Cuadro No. 9 Listado de los diez mejores árboles según peso específico aparente básico individual

Árbol	Lote/ familia	PEAB (kg/m ³)	DAP (cm)	Ht (m)	Vt s/c m ³
1	4507 (185)	551.4	14.2	14.0	0.169068
2	4502	532.6	12.8	11.75	0.124177
3	4504	527.0	12.2	13.25	0.135243
4	4502	522.8	12.8	12.0	0.090515
5	4502	516.1	12.0	11.75	0.107640
6	4507 (185)	511.1	16.5	14.5	0.259664
7	4503	508.3	16.2	13.25	0.221825
8	4507 (60)	505.0	13.9	13.5	0.171014
9	4502	494.1	11.4	12.25	0.100098
10	4504	491.1	12.3	13.25	0.132881

Cabe señalar que, a diferencia de lo que ocurre para volumen individual, los árboles de mayor PEAB corresponden a una mayor diversidad de lotes. Sin embargo también el lote 4507(185) contiene tres de los árboles de mayor PEAB. Además es destacable que el décimo árbol de mayor volumen es también el sexto individuo de mayor PEAB y pertenece al lote 4507(185).

4.6. SINTESIS DE LAS VARIABLES EVALUADAS

Si se considera el conjunto de las variables Vt, PEAB y Edc, se observa la tendencia a que los lotes provenientes de la utilización de QTL1744 de progenitor masculino (4507), y femenino (4503) sean superiores en dichas variables. QTL1744 es además el progenitor del lote 4506, que es un lote que presenta valores intermedios. Por otro lado, los lotes 4502 y 4504, descendientes de QTL1689 presentan los valores más bajos de Vt, PEAB y Edc.

QTL1744 así como los mejores individuos dentro de sus progenes 4503 y 4507, comparados con *E. grandis*, poseen un PEAB mayor, sin detrimento del volumen.

5 CONCLUSIONES

5.1. LOTES EVALUADOS EN EL ENSAYO 173

Los lotes con mayores valores promedio y desvíos estándar en diámetro a la altura del pecho (Dap) fueron 4503 y 4507. Los lotes de menores valores promedio y menor variación en Dap fueron 4504 y 4506.

Referente al espesor diametral de corteza (EDC), las familias que presentaron los mayores valores promedio y desvíos fueron, 4503, y 4507 a la vez que 4506 y 4504 presentaron los menores valores.

Los lotes que presentaron mayores valores promedio de altura total (*Ht*) fueron 4507 y 4504, en tanto que los menores promedios corresponden a los lotes 4502 y 4503. Los que presentaron mayor desvío fueron, 4503, 4504, 4502 mientras que 4506 y 4507 los menores.

Con respecto al volumen promedio (*Vt s/c*) de los árboles a los 3 años de edad, las familias que presentaron los mayores valores fueron la 4503 y la 4507, mientras que las que presentaron menores volúmenes fueron la 4502 y la 4506. Ocurrió lo mismo con el desvío estándar.

En cuanto al peso específico aparente básico (PEAB), no hubo diferencias significativas entre las distintas familias. Sin embargo, las familias 4503 y 4507 presentaron los mayores valores y las familias 4504 y 4506 los menores valores para dicha característica.

Entre las variables estudiadas, la altura fue la que tuvo menor variación dentro de familias.

Se observa que las familias resultantes de los cruzamientos en los que interviene como progenitor el individuo QTL1744 tienden a presentar mayor volumen, mayor peso específico aparente básico y mayor espesor diametral de corteza. En concordancia también con la conclusión anterior, se observa la tendencia que las progenies del individuo QTL1689 tienden a presentar menor volumen, menor peso específico aparente y menor espesor diametral de corteza

A realizar un listado de los individuos de mayor PEAB y *Vt s/c* se encontró varios árboles notables. De ellos se destaca el árbol con la etiqueta 109 dentro del lote 4507(185), que entre los 146 árboles muestreados se ubicó en decimo lugar en *Vt s/c* y en sexto lugar en PEAB (Anexo No.1).

5.2. RECOMENDACIONES

Se recomienda proseguir con la evaluación de las familias que presentaron mayor peso específico aparente básico y volumen combinados (4503 y 4507), con el fin de incrementar el rendimiento celulósico por hectárea (Resquin et al., 2004). Esto permitiría la selección de los mejores individuos dentro dichas familias, ya sea para conformar la nueva población base en el ciclo de mejoramiento, o para ser probados en un ensayo de clones, con el fin obtener nuevos clones comerciales.

Es aconsejable continuar con la utilización tanto del clon QTL1744, así como de los mejores individuos dentro de los lotes 4503 y 4507 (tal como el de etiqueta 109), dentro del programa de mejoramiento, tanto para conformar una población base para el próximo ciclo como para ser incluidos en un ensayo comercial de clones.

Sería conveniente utilizar el clon QTL1689, así como árboles selectos dentro de todos los lotes evaluados en programa de mejoramiento, para ampliar la base genética de la siguiente población base, o con el fin de reducir espesor diametral de corteza y a la vez aumentar volumen y PEAB en cruzamientos futuros.

6 RESUMEN

El uso reciente de híbridos interespecíficos complejos en el género *Eucalyptus* tiene como fin combinar características favorables en un mismo individuo y capturar vigor híbrido. Se evaluó un ensayo de híbridos interespecíficos de tres años de edad, en el establecimiento “El Carretón”, propiedad de Forestal Oriental S. A., en la zona de Quebracho, Departamento de Paysandú, Uruguay, con el propósito de caracterizar las progenies resultantes de pseudo-retrocruzadas. Este ensayo comprende parcelas plantadas con la descendencia de cruzamientos complejos entre *Eucalyptus grandis* y *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus*; se extrajo muestras de sólo siete parcelas plantadas con seis lotes correspondientes a tres pseudo-retrocruzadas. En dichas pseudo-retrocruzadas intervienen dos individuos selectos, QTL1744 y QTL1689; *E. globulus* ssp. *globulus* intervino como progenitor masculino, en tanto que *E. grandis* intervino como progenitor masculino y femenino. Las variables evaluadas fueron diámetro a la altura del pecho (DAP), espesor diametral de corteza (*Edc*), altura total (*Ht*), volumen total sin corteza (*Vt s/c*) y peso específico aparente básico (*PEAB*). Se analizó la información de cada lote, estimando valores promedio y límites de confianza. Las familias 4503 y 4507 presentaron los mayores valores de *Vt s/c*, DAP, *Edc* y *PEAB* y a la vez los mayores desvíos estándar para *Vt s/c*, DAP y *Edc*, aunque no para *PEAB*. El mayor volumen de 4503 se explica por su DAP, mientras que el de 4507 se asocia tanto a DAP como a *Ht*. Los lotes restantes (4502, 4504 y 4506) conformaron el grupo de valores más bajos de *Vt s/c*, DAP, *Edc* y *PEAB*, a la vez con los menores desvíos estándar, salvo para la variable *PEAB*, en la cual el lote 4502 presentó un mayor desvío estándar. El clon QTL1744 es el progenitor tanto de los lotes que presentan los mayores valores de *PEAB*, *Edc* y *Vt s/c* (4503 y 4507) como de un lote con valores intermedios, 4504. El lote 4503 combina los mayores valores de *Vt s/c* y *PEAB* y es el segundo mayor en *Edc*. Se observa la tendencia a que, los lotes descendientes de QTL1744, como progenitor tanto masculino como femenino, son superiores en *Vt s/c* y *PEAB*; en consecuencia, sería recomendable proseguir con el uso de QTL1744 y su descendencia en el programa de mejoramiento genético de la empresa, a los efectos de continuar incrementando el rendimiento celulósico.

Palabras clave: Mejoramiento genético forestal; *Eucalyptus grandis*; *Eucalyptus globulus*; Híbridos; Densidad básica; Volumen.

7 SUMMARY

The recent use of complex interspecific *Eucalyptus* hybrids has the object of combining desirable traits within one individual and capturing hybrid vigor. A three-year-old interspecific hybrid trial, established in “El Carretón” forest estate, managed by Forestal Oriental S.A., located in Quebracho, Paysandú, Uruguay (lat. 31°54'9,962” S; long. 57°45'20,188” W) was assessed, with the object of characterizing progenies resulting from pseudo-backcrossing. This trial contains plots planted with descendants from complex crossings between *Eucalyptus grandis* and *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus*; only seven plots comprising six lots/families from three pseudo-backcrossings were sampled. Two select individuals, QTL1744 and QTL1689, partake in these pseudo-backcrossings; *E. globulus* ssp. *globulus* partook as a male parent whereas *E. grandis* was used both as male and female parent in two separate pseudo-backcrossings. Traits assessed were diameter at breast height (*Dbh*), diametrical bark thickness (*Dbt*), Total height (*Ht*), Stem Volume (*Vt*) and Basic density (*Bd*). Estimates of average values and confidence limits were obtained for each family. Lots 4503 and 4507 showed highest *Vt u.b.*, *Dbh*, *Dbt* and *Bd* values and at the same time, highest standard deviations for *Vt u.b.*, *Dbh* and *Dbt*, though not for *Bd*. Highest volume of lot 4503 is explained by its *Dbh*, whereas the same superiority in 4507 is related with both *Dbh* and *Ht*. Remaining lots (4502, 4504 and 4506) made up the group with lowest *Vt u.b.*, *Dbh*, *Dbt* and *Bd* values, and also those with lowest standard deviations, excepting lot 4502 which exhibited a higher standard deviation for *Bd*. Clone QTL1744 is parent to both lots showing highest *Bd*, *Dbt* and *Vt u.b.* (4503 and 4507) and an intermediate-value lot, 4504. Lot 4503 combines the highest values of *Vt u.b.* and *Bd*, and rates second-highest for *Dbt*. Lots descending from QTL1744, both as a male and female parent, tended to superior average *Vt u.b.* and *Bd* values; therefore, the further use of QTL1744 and its offspring in the company breeding program in order to continue increasing pulp yields is recommended.

Key words: Genetic forest improvement; *Eucalyptus grandis*; *Eucalyptus globulus*; Hybrids; Basic density; Volume.

8. BIBLIOGRAFÍA

1. ALTAMIRANO, A.; DA SILVA, H.; DURÁN, A.; ECHEVERRÍA, A.; PANARIO, D.; PUENTES, R. 1976. Carta de reconocimiento de suelos del Uruguay; clasificación de suelos. Montevideo, MGAP. DSF. 96 p.
2. BENTANCOR, L.; ROMERO, D. 2009. Estudio del comportamiento de la F1 en híbridos interespecíficos de *Eucalyptus grandis* x *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus* y de *Eucalyptus grandis* x (*Eucalyptus urophylla* x *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus*). Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Facultad de Agronomía. 89 p.
3. BOUVET, J.M.; VIGNERON, P. 1996. Variance structure in *Eucalyptus* hybrid populations. *Sylvae Genetica*. 45 (3): 171-177.
4. BRUSSA, C. A. 1994. *Eucalyptus*. Montevideo, Hemisferio Sur. 328 p.
5. BOSSI, J.; FERRANDO, L.; MONTAÑA, J.; CAMPAL, N.; MORALES, H.; GANCIO, F.; SCHIPILOV, A.; PIÑEIRO, D.; SPRECHMAN, P. 1998. Carta geológica del Uruguay escala 1/500.000. Montevideo, Facultad de Agronomía. 37 p.
6. CABALLERO, A. W. 1975. Introducción a la Estadística. San José, Costa Rica, Instituto Interamericano de Ciencias Agrícolas. 289 p.
7. CORONEL, E. O. 1994. Fundamentos de las propiedades físicas y mecánicas de las maderas; aspectos teóricos y prácticos para la determinación de las propiedades, y sus aplicaciones. Santiago del Estero, Facultad de Ciencias Forestales. 187 p.
8. DE ASSIS, T.F. 2000. Production and use of *Eucalyptus* hybrids for industrial purposes. In: Symposium on Hybrid Breeding and Genetics of Forest Trees (2000, Noosa, Australia). Proceedings. Brisbane, Australia, Department of Primary Industries. pp. 63-74.
9. FAO. 2003. Forest genetic resources working papers; regional updates. Rome, Italy, Forest Resources Development Service. 151 p. (Working Paper FGR/73E).
10. _____. 2007. Forest health and biosecurity working papers; overview of forest pests Uruguay. Rome, Italy, Forest Resources Development Service. 20 p. (Working Paper FBS/33E).

11. FERREIRA, M. 1970. Estudo da variação da densidade básica da madeira de *Eucalyptus alba* e *Eucalyptus saligna*. (en línea). IPEF. 1: 83-96. Consultado 25 ene. 2011. Disponible en <http://www.ipef.br/publicacoes/scientia/nr01/cap04.pdf>
12. IGARTÚA, D.V.; MONTEOLIVA, S. E.; MONTERUBBIANESI, N .G; VILLEGAS, M. S. 2002. Calidad del leño en *Eucalyptus globulus* ssp. *globulus*: II. Variaciones en la densidad básica y longitud de fibras en Lobería, Provincia de Buenos Aires, Argentina. Revista de la Facultad de Agronomía (La Plata). 105 (1): 29 – 39.
13. JARVIS, S.F.; BORRALHO, N.M.G.; POTTS, B.M. 1995. Implementation of multivariate BLUP model for genetic evaluation of *Eucalyptus globulus* in Australia. *In*: *Eucalypt Plantations; Improving Fibre Yield and Quality* (1995, Hobart, Tasmania, Australia.). Proceedings. Hobart, Tasmania, Australia, CRCTHF-IUFRO. pp. 212-216.
14. MARCÓ, M. A. 2005. Conceptos generales del mejoramiento genético forestal y su aplicación a los bosques cultivados de la Argentina. *In*: Norberto, C. ed. *Mejores árboles para más forestadores; el programa de producción de material de propagación mejorado y el mejoramiento genético en el proyecto forestal de desarrollo*. Buenos Aires, INTA. pp. 9-17.
15. MENDOZA, S.; RAVA, A. 2009. Estudio de la variación del plan leñoso de la madera de híbridos de *Eucalyptus grandis* Hill ex Maiden y *Eucalyptus globulus* Labillardière ssp. *globulus*. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Facultad de Agronomía. 72 p.
16. POTTS, B. M.; VOLKER, P. W.; TILYARD, P. A.; JOYCE, K. 2000. The genetics of hybridisation in the temperate *Eucalyptus*. *In*: QFRI/CRC-SPF Symposium (2000, Noosa, Queensland, Australia). Proceedings. Brisbane, Australia, Department of Primary Industries. pp. 200 – 211.
17. RESQUIN, F.; DE MELLO, J.C.; FARÍÑA, I. 2004. Caracterización de la celulosa de especies del género *Eucalyptus* plantadas en el Uruguay. *In*: Seminario Aportes a la Producción de Celulosa a partir de *Eucalyptus* (2004, INIA Las Brujas, Canelones, Uruguay). Trabajos presentados. Tacuarembó, INIA. pp. 1-47.
18. SANCHEZ, A. M. 1995. Experiencia argentina en el uso de la madera de eucalipto. (en línea). *In*: Seminário Internacional de Utilização da Madeira de Eucalipto para Serraria (1995, Sao Paulo). Anales. s.n.t. pp. 74 – 91.

- Consultado 9 ene. 2011. Disponible en http://www.ipef.br/publicacoes/seminario_serraria/cap09.pdf
19. SHIMOYAMA, V.R.; BARRICHELO, L.E.G. 1989. Densidade básica da madeira, melhoramiento e manejo florestal. (en línea). IPEF. 20 (6): 1-22. Consultado 25 ene. 2011. Disponible en <http://www.ipef.br/publicacoes/stecnica/nr20/cap01.pdf>
 20. STEEL, R. G. D.; TORRIE, J. H. 1989. Bioestadística; principios y procedimientos. 2ª ed. Bogotá, Mc Graw-Hill Interamericana. 622 p.
 21. TUSET, R.; DURÁN, F. 2008. Manual de maderas comerciales, equipos y procesos de utilización. Montevideo, Uruguay, Hemisferio Sur. v.2, 503 p.
 22. UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA (URUGUAY). FACULTAD DE AGRONOMÍA. 1998. Carta geológica departamental del Uruguay. Montevideo. s.p.
 23. URUGUAY. MINISTERIO DE DEFENSA NACIONAL. DIRECCIÓN NACIONAL DE METEOROLOGÍA. s.f. Estadísticas climatológicas. (en línea). Montevideo. Consultado 22 feb. 2011. Disponible en <http://www.meteorologia.gub.uy/index.php/estadisticas-climaticas>
 24. VERRYIN, S.D. 2000. Eucalyptus hybrid breeding in South Africa. *In*: Symposium on Hybrid Breeding and Genetics of Forest Trees (2000, Noosa, Australia). Proceedings. Brisbane, Australia, Department of Primary Industries. pp. 191-199.
 25. WHITE, T. L.; ADAMS, W. T.; NEALE, D. B. 2007. Forest genetics. Cambridge, CAB International. 702 p.
 26. ZOBEL, B.; TALBERT, J. 1992. Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales. México, Limusa. 545 p.

9 ANEXOSAnexo No. 1Variables estudiadas según lote

No. Lote	Cruza	No. árbol	DAP (m)	Ht (m)	Edc (m)	Vt s/c (m3)	Vol Tarugo (cc)	Peso Sat (g)	Peso Sec (g)	PEAB (kg/m³)
4506	gra x 1689QTL	1	0,11	11,75	0,004	0,0960	11,51	11,67	5,272	458
4506	gra x 1689QTL	2	0,111	13,5	0,003	0,1169	11,635	11,603	5,15	443
4506	gra x 1689QTL	3	0,108	12,75	0,004	0,1001	11,608	11,556	4,953	427
4506	gra x 1689QTL	4	0,126	13,75	0,005	0,1453	14,125	14,245	6,364	451
4506	gra x 1689QTL	5	0,126	12,75	0,005	0,1347	17,66	17,236	7,858	445
4506	gra x 1689QTL	6	0,119	13,75	0,005	0,1283	16,164	16,625	7,062	437
4506	gra x 1689QTL	7	0,113	13,5	0,005	0,1125	15,463	15,538	6,79	439
4506	gra x 1689QTL	8	0,132	14,25	0,005	0,1666	17,893	17,914	7,84	438
4506	gra x 1689QTL	9	0,128	14	0,004	0,1583	17,449	17,236	7,452	427
4506	gra x 1689QTL	10	0,126	13,5	0,005	0,1427	16,46	17,046	7,53	457
4506	gra x 1689QTL	11	0,112	12,5	0,003	0,1103	16,365	16,814	7,54	461
4506	gra x 1689QTL	12	0,119	14,5	0,004	0,1403	16,26	16,262	7,014	431
4506	gra x 1689QTL	13	0,132	14	0,005	0,1637	16,917	17,473	7,609	450
4506	gra x 1689QTL	14	0,127	13,25	0,004	0,1474	16,846	16,362	7,401	439
4506	gra x 1689QTL	15	0,114	12,5	0,004	0,1103	14,929	15,394	6,477	434
4506	gra x 1689QTL	16	0,111	13,25	0,005	0,1062	15,958	16,351	7,268	455
4506	gra x 1689QTL	17	0,124	13,25	0,004	0,1400	16,079	16,107	7,036	438
4506	gra x 1689QTL	18	0,117	12,25	0,003	0,1185	15,758	15,854	7,206	457
4506	gra x 1689QTL	19	0,11	12,75	0,003	0,1083	13,753	14,233	5,934	431
4506	gra x 1689QTL	20	0,121	13	0,004	0,1304	15,668	15,272	6,427	410
4506	gra x 1689QTL	21	0,11	13	0,003	0,1104	14,793	14,963	6,526	441
4506	gra x 1689QTL	22	0,117	13,25	0,004	0,1236	14,439	14,291	6,261	434
4506	gra x 1689QTL	23	0,123	13,25	0,004	0,1376	17,132	16,959	7,946	464
4506	gra x 1689QTL	24	0,118	13,25	0,003	0,1305	15,198	15,571	6,75	444
4506	gra x 1689QTL	25	0,112	13	0,004	0,1104	14,913	15,338	6,459	433

	1689QTL									
4506	gra x 1689QTL	26	0,1	12,25	0,003	0,0850	14,433	14,372	5,696	395
4506	gra x 1689QTL	27	0,125	12	0,003	0,1335	17,741	18,584	8,577	483
4506	gra x 1689QTL	28	0,118	12,75	0,005	0,1168	15,37	15,125	6,524	424
4506	gra x 1689QTL	29	0,114	12,75	0,004	0,1125	15,901	15,902	6,985	439
4506	gra x 1689QTL	30	0,131	13,5	0,006	0,1501	17,538	17,399	7,671	437
4506	gra x 1689QTL	31	0,116	12,75	0,004	0,1168	17,118	16,562	7,555	441
4506	gra x 1689QTL	32	0,112	11,75	0,004	0,0998	15,316	15,605	7,103	464
4506	gra x 1689QTL	33	0,136	13,75	0,005	0,1714	17,636	18,349	7,767	440
4506	gra x 1689QTL	34	0,122	13	0,004	0,1327	17,363	16,902	7,105	409
4506	gra x 1689QTL	35	0,102	12,25	0,003	0,0887	13,607	14,177	6,228	458
4506	gra x 1689QTL	36	0,112	13	0,004	0,1104	14,486	14,311	6,442	445
4506	gra x 1689QTL	37	0,13	13,25	0,004	0,1549	16,934	17,376	7,13	421
4506	gra x 1689QTL	38	0,113	12,5	0,003	0,1124	16,421	17,577	8,005	487
4506	gra x 1689QTL	39	0,125	13	0,005	0,1350	17,056	17,201	7,611	446
4506	gra x 1689QTL	40	0,122	12	0,004	0,1225	16,75	16,848	7,068	422
4504	QTL(1744) x gra elite mix	41	0,127	12,75	0,004	0,1418	15,818	15,11	6,48	410
4504	QTL(1744) x gra elite mix	42	0,138	15	0,005	0,1930	15,293	16,356	7,139	467
4504	QTL(1744) x gra elite mix	43	0,122	13,25	0,005	0,1305	14,032	14,97	6,354	453
4504	QTL(1744) x gra elite mix	44	0,138	14,75	0,006	0,1839	16,231	16,852	7,166	442
4504	QTL(1744) x gra elite mix	45	0,142	14,5	0,005	0,1984	16,362	17,599	7,171	438
4504	QTL(1744) x gra elite mix	46	0,109	12,5	0,005	0,0962	11,792	12,852	5,587	474
4504	QTL(1744) x gra elite mix	47	0,136	13,5	0,005	0,1683	16,484	16,182	6,534	396
4504	QTL(1744) x gra elite mix	48	0,122	13	0,005	0,1281	14,193	15,255	6,627	467
4504	QTL(1744) x gra elite mix	49	0,125	13,5	0,004	0,1451	13,501	14,1	5,582	413
4504	QTL(1744) x gra elite mix	50	0,125	12,25	0,006	0,1229	13,873	14,48	5,803	418
4504	QTL(1744)	51	0,136	13,25	0,006	0,1600	13,918	14,37	6,076	437

	x gra elite mix									
4504	QTL(1744) x gra elite mix	52	0,13	12,5	0,005	0,1414	13,53	14,004	5,544	410
4504	QTL(1744) x gra elite mix	53	0,155	13,75	0,006	0,2208	17,166	19,175	7,351	428
4504	QTL(1744) x gra elite mix	54	0,122	13,25	0,004	0,1352	14,23	15,55	7,499	527
4504	QTL(1744) x gra elite mix	55	0,123	13,25	0,005	0,1329	13,118	14,235	6,442	491
4504	QTL(1744) x gra elite mix	56	0,135	13,75	0,006	0,1634	15,299	16,608	7,306	478
4504	QTL(1744) x gra elite mix	57	0,14	15,25	0,005	0,2024	15,773	17,862	7,574	480
4504	QTL(1744) x gra elite mix	58	0,139	14,5	0,006	0,1837	16,603	17,664	7,107	428
4504	QTL(1744) x gra elite mix	59	0,138	14	0,005	0,1802	16,21	15,889	6,703	414
4504	QTL(1744) x gra elite mix	60	0,135	12,75	0,006	0,1515	15,07	15,87	7,197	478
4504	QTL(1744) x gra elite mix	61	0,148	14,25	0,006	0,2070	16,589	18,281	7,976	481
4504	QTL(1744) x gra elite mix	62	0,112	13,75	0,005	0,1124	13,278	13,723	5,753	433
4504	QTL(1744) x gra elite mix	63	0,13	11,75	0,005	0,1329	14,141	14,465	6,014	425
4504	QTL(1744) x gra elite mix	64	0,127	12,75	0,005	0,1371	14,751	15,252	6,207	421
4504	QTL(1744) x gra elite mix	65	0,128	12,25	0,004	0,1385	15,19	16,281	6,384	420
4504	QTL(1744) x gra elite mix	66	0,131	13,5	0,005	0,1552	15,598	16,288	6,911	443
4504	QTL(1744) x gra elite mix	67	0,137	13	0,006	0,1595	16,213	16,737	6,541	403
4504	QTL(1744) x gra elite mix	68	0,111	11,5	0,005	0,0921	12,915	13,613	5,641	437
4504	QTL(1744) x gra elite mix	69	0,116	12,75	0,005	0,1125	13,793	14,738	6,255	453
4504	QTL(1744) x gra elite mix	70	0,135	13,5	0,005	0,1657	16,455	16,347	6,914	420
4501	QTL(1689) x glo/glo mix chile	71	0,184	12,5	0,008	0,2771	18,055	19,747	8,328	461
4503	QTL(1744)	72	0,152	12,25	0,005	0,1940	17,296	18,527	8,084	467

	x glo/glo mix chile									
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	73	0,162	13,25	0,008	0,2218	23,651	25,695	12,022	508
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	74	0,131	11,5	0,005	0,1322	17,374	18,24	7,197	414
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	75	0,142	10,5	0,008	0,1309	17,463	18,722	7,785	446
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	76	0,172	13,25	0,01	0,2404	19,982	21,473	9,408	471
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	77	0,205	13,5	0,01	0,3629	24,474	26,527	10,981	449
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	78	0,173	12,25	0,008	0,2372	22,976	24,985	10,129	441
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	79	0,196	13,25	0,007	0,3447	26,28	28,636	12,061	459
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	80	0,175	13,25	0,008	0,2631	19,731	21,553	9,214	467
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	81	0,16	13	0,005	0,2297	20,557	22,073	9,051	440
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	82	0,145	13	0,006	0,1806	20,592	22,174	9,597	466
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	83	0,152	13,25	0,005	0,2098	19,647	21,752	8,807	448
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	84	0,159	12,5	0,005	0,2180	20,25	22,738	9,793	484
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	85	0,152	13	0,006	0,2001	21,505	23,623	9,867	459
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	86	0,142	12	0,008	0,1496	20,025	21,827	9,196	459
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	87	0,155	13,25	0,006	0,2128	21,27	23,419	10,194	479
4503	QTL(1744) x glo/glo mix chile	88	0,132	12	0,005	0,1403	18,283	19,716	8,034	439
4507(185)	gra x 1744QTL	89	0,148	14	0,007	0,1974	19,507	20,762	8,959	459
4507(185)	gra x 1744QTL	90	0,16	13,5	0,005	0,2386	20,869	22,291	9,075	435
4507(185)	gra x 1744QTL	91	0,159	13	0,008	0,2088	20,398	22,176	9,885	485
4507(185)	gra x 1744QTL	92	0,196	13,25	0,008	0,3372	23,789	25,489	10,443	439
4507(185)	gra x 1744QTL	93	0,185	13,5	0,008	0,3028	24,47	26,732	11,468	469
4507(185)	gra x 1744QTL	94	0,153	13,5	0,006	0,2108	20,936	21,434	9,05	432
4507(185)	gra x	95	0,18	14,25	0,006	0,3159	23,756	25,097	10,327	435

185)	1744QTL									
4507(185)	gra x 1744QTL	96	0,131	13,5	0,008	0,1402	18,549	19,786	8,376	452
4507(185)	gra x 1744QTL	97	0,136	13,5	0,006	0,1630	16,481	17,074	7,119	432
4507(185)	gra x 1744QTL	98	0,142	13	0,007	0,1673	19,86	20,044	8,328	419
4507(185)	gra x 1744QTL	99	0,166	13,5	0,008	0,2386	22,245	23,737	9,43	424
4507(185)	gra x 1744QTL	100	0,148	13,75	0,007	0,1939	19,359	21,247	9,356	483
4507(185)	gra x 1744QTL	101	0,17	15,25	0,008	0,2841	22,386	24,358	10,251	458
4507(185)	gra x 1744QTL	102	0,148	13	0,007	0,1833	20,583	21,868	8,642	420
4507(185)	gra x 1744QTL	103	0,151	12	0,008	0,1718	20,198	21,869	9,496	470
4507(185)	gra x 1744QTL	104	0,166	14	0,006	0,2608	20,881	22,619	9,286	445
4507(185)	gra x 1744QTL	105	0,149	13,75	0,007	0,1968	21,002	21,723	9,149	436
4507(185)	gra x 1744QTL	106	0,142	14	0,009	0,1691	19,167	21,612	10,569	551
4507(185)	gra x 1744QTL	107	0,158	13,75	0,008	0,2178	20,721	22,537	9,731	470
4507(185)	gra x 1744QTL	108	0,145	14	0,006	0,1945	19,541	20,84	8,809	451
4507(185)	gra x 1744QTL	109	0,165	14,5	0,007	0,2597	21,686	23,925	11,084	511
4507(185)	gra x 1744QTL	110	0,159	13,25	0,006	0,2249	19,751	21,688	9,065	459
4507(185)	gra x 1744QTL	111	0,178	13,75	0,006	0,2976	20,502	22,144	9,572	467
4507(60)	gra x 1744QTL	112	0,151	14	0,007	0,2064	19,943	21,673	9,351	469
4507(60)	gra x 1744QTL	113	0,161	13,75	0,008	0,2271	21,554	24,127	10,459	485
4507(60)	gra x 1744QTL	114	0,16	14,5	0,006	0,2494	22,477	22,77	9,011	401
4507(60)	gra x 1744QTL	115	0,121	12,75	0,006	0,1190	16,001	16,107	7,021	439
4507(60)	gra x 1744QTL	116	0,15	13,75	0,007	0,1997	19,778	20,821	9,071	459
4507(60)	gra x 1744QTL	117	0,152	12,75	0,005	0,2019	18,166	18,956	8,018	441
4507(60)	gra x 1744QTL	118	0,139	13,5	0,006	0,1710	17,767	20,07	8,972	505
4507(60)	gra x 1744QTL	119	0,14	13,5	0,007	0,1683	18,788	19,298	8,12	432
4507(60)	gra x 1744QTL	120	0,125	12,25	0,005	0,1272	16,006	17,233	6,536	408
4502	QTL(1689) x gra elite mix	121	0,122	13,25	0,006	0,1259	16,052	16,957	6,922	431
4502	QTL(1689) x gra elite mix	122	0,127	12,5	0,005	0,1344	16,844	17,19	6,939	412
4502	QTL(1689) x gra elite mix	123	0,131	13,25	0,008	0,1376	17,719	19,453	8,147	460
4502	QTL(1689) x gra elite	124	0,148	14,25	0,006	0,2070	19,244	19,499	8,218	427

	mix									
4502	QTL(1689) x gra elite mix	125	0,117	11,5	0,005	0,1034	15,6	17,049	6,835	438
4502	QTL(1689) x gra elite mix	126	0,151	13,5	0,008	0,1932	21,415	23,395	9,631	450
4502	QTL(1689) x gra elite mix	127	0,122	11,5	0,005	0,1133	17,421	17,809	7,525	432
4502	QTL(1689) x gra elite mix	128	0,152	14,25	0,007	0,2131	20,736	22,631	9,682	467
4502	QTL(1689) x gra elite mix	129	0,12	12,25	0,006	0,1122	16,159	17,134	6,724	416
4502	QTL(1689) x gra elite mix	130	0,12	11,75	0,006	0,1076	16,497	18,209	8,515	516
4502	QTL(1689) x gra elite mix	131	0,116	12	0,005	0,1059	16,972	17,981	7,001	413
4502	QTL(1689) x gra elite mix	132	0,118	12,5	0,006	0,1103	15,289	16,38	6,822	446
4502	QTL(1689) x gra elite mix	133	0,126	12,25	0,005	0,1295	18,128	19,231	7,731	426
4502	QTL(1689) x gra elite mix	134	0,112	12,25	0,005	0,1001	14,181	15,078	6,129	432
4502	QTL(1689) x gra elite mix	135	0,108	12	0,005	0,0905	15,058	16,523	7,872	523
4502	QTL(1689) x gra elite mix	136	0,114	12,25	0,006	0,1001	15,912	17,416	7,862	494
4502	QTL(1689) x gra elite mix	137	0,122	12	0,007	0,1099	15,88	16,564	6,923	436
4502	QTL(1689) x gra elite mix	138	0,112	12,25	0,006	0,0962	15,503	15,469	6,788	438
4502	QTL(1689) x gra elite mix	139	0,112	11,75	0,005	0,0960	15,366	15,634	6,714	437
4502	QTL(1689) x gra elite mix	140	0,132	11	0,007	0,1203	18,006	19,305	7,972	443
4502	QTL(1689) x gra elite mix	141	0,13	10,75	0,005	0,1216	17,662	18,162	7,516	426
4502	QTL(1689) x gra elite mix	142	0,128	11,75	0,006	0,1242	17,515	19,396	9,329	533
4502	QTL(1689) x gra elite mix	143	0,128	12	0,004	0,1357	16,656	18,29	7,37	442
4502	QTL(1689) x gra elite mix	144	0,127	11,5	0,006	0,1194	17,374	19,14	8,037	463
4502	QTL(1689) x gra elite	145	0,158	12,25	0,005	0,2107	21,91	23,774	8,768	400

	mix									
4502	QTL(1689) x gra elite mix	146	0,127	11,5	0,007	0,1153	16,325	17,874	7,715	473
4502	QTL(1689) x gra elite mix	147	0,117	10,75	0,005	0,0967	14,462	15,18	5,938	411