

# **MEJORAMIENTO FORESTAL A NIVEL DE FAMILIA Y DE INDIVIDUO**

**(Tree improvement at family and individual level)**

**NOTA DE CLASE No. D.4**

**Recopilado por**

**H.Roulund y K.Olesen**

**Humblebaek, Dinamarca. Setiembre 1992**

**CONTENIDO**

	<b>PAGINA</b>
<b>1. INTRODUCCION</b>	<b>77</b>
<b>2. ELEMENTOS Y TECNICAS DEL MEJORAMIENTO FORESTAL</b>	<b>78</b>
2.1 Plan de mejoramiento	
2.2 Selección	
2.3 Ensayos de progenie y ensayos clonales	
2.4 Propagación vegetativa	
2.5 Polinización abierta	
2.6 Polinización controlada	
<b>3. SELECCION</b>	<b>79</b>
3.1 Criterios de selección	
3.2 Selección fenotípica	
3.3 Selección genotípica	
<b>4. EVALUACION</b>	<b>82</b>
4.1 Ensayos de progenie y clonales	
4.2 Establecimiento de ensayos	
<b>5. RECOMBINACION</b>	<b>86</b>
5.1 Polinización abierta	
5.2 Polinización controlada	
<b>6. PRODUCCION MASIVA DE MATERIAL MEJORADO</b>	<b>92</b>
<b>7. LITERATURA SELECCIONADA</b>	<b>93</b>

## 1. INTRODUCCION

La mayoría de los países que desarrollan programas de plantaciones forestales han iniciado acciones de mejoramiento genético, no sólo a nivel de procedencias sino también a nivel de familias e individuos. El mejoramiento forestal empezó en las zonas templadas en la década de los treinta y rápidamente se expandió a las zonas subtropicales y posteriormente a las regiones tropicales. El trabajo de mejoramiento se inspiró en el desarrollo de la ciencia genética y en los resultados obtenidos en agricultura y horticultura. Frecuentemente las posibilidades del mejoramiento forestal fueron sobrestimadas, por lo que ha sido muy difícil llenar las expectativas optimistas de los pioneros en este campo.

Sin embargo, a través del trabajo persistente y cuidadoso, se han logrado ganancias considerables con algunas especies en varios países. Además, se ha generado una gran cantidad de información y conocimiento. Esto constituye un importante requisito para el desarrollo del mejoramiento en el futuro.

En mejoramiento forestal, una familia es un grupo de individuos derivados del mismo árbol por vía sexual. Si un árbol es polinizado por muchos árboles se genera una familia de polinización abierta y a los hijos se les llama una familia de medios hermanos o semi-fratrias (half sib family). Si un árbol es polinizado por otro (único) árbol bajo condiciones controladas, podemos llamar a los hijos una familia de polinización controlada o una familia de hermanos completos o fratrias (full sib family).

Un individuo es un genotipo derivado de reproducción sexual. Un individuo se puede "clonar" vía propagación vegetativa y producir árboles genéticamente idénticos. El árbol original se llama ortet y los propágulos (árboles derivados) se llaman ramets.

El objetivo del mejoramiento forestal a nivel de familia e individuo es mejorar varias características, más de las que son posibles a nivel de procedencias.

Hoy en día está bien establecido que existe variación genética entre poblaciones. Esto se ha reflejado en un gran número de ensayos de procedencias y en el uso práctico de fuentes de semilla específicas. Sin embargo, también existe variación (entre individuos) dentro de poblaciones o procedencias y esta variación es casi siempre considerable. Este hecho brinda una buena oportunidad para obtener ganancias adicionales a las que se logran usando las mejores procedencias, si se seleccionan los árboles correctos para continuar el trabajo de mejoramiento.

Una de las razones para seleccionar individuos en vez de poblaciones, es que la selección puede ser más específica. Con selección individual se pueden realizar grandes progresos y obtener menor variación en una característica específica. Sin

embargo, usualmente el mejoramiento a nivel de familia e individuo es más costoso que la identificación de las mejores procedencias y el establecimiento de fuentes de las mismas. Existen muchas actividades que deben financiarse adecuadamente: selección de los árboles correctos (árboles plus), establecimiento de bancos clonales, facilidades para el manejo del polen, ensayos de campo, etc. Estos costos deben justificarse por la superioridad de las plantas mejoradas desarrolladas por el programa. Generalmente, esta justificación sólo es posible con la plantación de grandes áreas con las principales especies.

## **2. ELEMENTOS Y TECNICAS DEL MEJORAMIENTO FORESTAL**

### **2.1 Plan de mejoramiento**

Es importante elaborar planes a largo plazo que incluyan varias generaciones. El plan debe ser suficientemente flexible y sólido para incorporar cambios en la política forestal, métodos silviculturales e innovaciones en genética y métodos de propagación (Wellendorf, 1991).

### **2.2 Selección**

La selección natural favorece a los árboles mejor adaptados a su ambiente. Para el mejoramiento forestal la selección artificial favorece a aquellos que poseen características deseables para objetivos específicos de plantación y producción. En la selección fenotípica (llamada también selección masal o selección de árboles plus) el árbol se selecciona por su apariencia. La selección genética se puede realizar cuando los árboles han sido probados en experimentos genéticos (con suficientes repeticiones). En la sección 3 se tratará más en detalle este tema.

### **2.3 Ensayos de progenie y ensayos clonales**

Después de la selección fenotípica, se debe comparar el comportamiento de los propágulos producidos sexual o vegetativamente, bajo condiciones uniformes para estimar su valor genético. Esto se realiza en ensayos de progenie y clonales, respectivamente (ver Sección 4).

### **2.4 Propagación vegetativa**

Mediante la propagación vegetativa (por injertos o estacas) de material seleccionado, la constitución genética del árbol "padre" se mantiene en la

"descendencia". Esto significa que el material seleccionado se puede trasladar a sitios adecuados (por ejemplo, bancos clonales) para desarrollar trabajos adicionales de mejoramiento o para cruzarlo con otro material seleccionado. También es posible mediante la propagación vegetativa producir en grandes cantidades individuos con características deseables (Roulund y Olesen, 1992).

## 2.5 Polinización abierta

Se pueden lograr avances en el mejoramiento de características individuales mediante la polinización de individuos seleccionados. Se supone que en rodales y huertos semilleros la semilla producida por árboles seleccionados tiene un valor genético más alto para las características en cuestión. La magnitud de esta superioridad se puede estimar a través de la evaluación de sus progenies.

## 2.6 Polinización controlada

También se pueden lograr avances en el mejoramiento de características individuales o combinaciones de estas a través de la polinización controlada de árboles seleccionados. Para realizar polinizaciones controladas se necesita de técnicas especiales. Esto incluye el aislamiento de flores femeninas, extracción de polen, almacenamiento de polen y transferencia de polen a las flores femeninas.

# 3. SELECCION

Un aspecto muy importante en la estrategia de mejoramiento es la formulación correcta de los criterios de selección. Los caracteres que se quieren mejorar pueden variar de especie a especie, pero también pueden cambiar con el tiempo y depende de los diferentes usos finales. Esto hace que el procedimiento completo a seguir sea complicado.

## 3.1 Criterios de selección

### Lista de criterios

La mayoría de las listas de criterios incluyen varias de los siguientes caracteres:

- Volumen
- Rectitud del fuste
- Características de ramificación

Densidad de la madera  
Resistencia a sequías  
Resistencia a insectos específicos  
Resistencia a hongos específicos

Para algunas especies es esencial algún producto particular como hule, resina, frutas o follaje para forraje.

Cuando se ha hecho una lista de varias características a mejorar y se ha discutido con forestales, silvicultores, tecnólogos de la madera, industriales del aserrío y de la pulpa, y otros consumidores, el mejorador forestal debe tratar de definir lo mejor posible la importancia relativa y el valor de los caracteres y establecer un orden de prioridades.

#### Limitación de los criterios

A menudo se tiene una lista de diez o más caracteres mencionados por los usuarios. Algunos de estos son independientes y otros pueden estar positivamente correlacionados. Una correlación positiva entre caracteres significa que el mejoramiento de uno de ellos produce el mejoramiento del otro. En este caso, el mejoramiento genético no es muy difícil. Otros caracteres pueden estar negativamente correlacionados, lo que implica que un progreso en uno de ellos causa un deterioro en el otro. A menudo esto se presenta entre la producción de volumen y las características de calidad, lo que hace el mejoramiento mucho más difícil.

Si los caracteres que se desean mejorar no están positivamente correlacionados, un incremento en el número de caracteres resultará en una disminución de la ganancia en cada carácter. Por este motivo, se recomienda restringir el número de caracteres a 5-6 o menos. Otra posibilidad es dividir el programa de mejora en dos ó más direcciones. Esta puede ser la mejor solución y en general la más costosa.

#### Criterios para selección temprana y tardía

La selección no siempre se realiza en todos los caracteres al mismo tiempo. Algunos se expresan claramente en el período juvenil y otros se pueden evaluar solamente en la fase madura. Es importante iniciar con un número adecuado de árboles que asegure que en la etapa adulta exista suficiente material de donde seleccionar para las características de interés.

La resistencia a sequías es muy importante en la fase juvenil. Durante el establecimiento del rodal puede ocurrir una alta mortalidad. Algunas enfermedades se presentan también en el período juvenil. La resistencia a hongos e insectos puede estar relacionada tanto con la fase juvenil como con la fase adulta. Caracteres como

la forma del fuste, volumen y densidad de la madera se evalúan mejor cuando los árboles no están muy jóvenes.

### Criterios para selección fenotípica y/o genotípica

La expresión de todos los caracteres es la suma de su valor genético y de la influencia ambiental. Lo que se mide es el valor fenotípico. Si se desea extrapolar los resultados a otras situaciones, se debe conocer el valor genotípico.

Los caracteres que están fuertemente controlados por los genes tienen un valor genético cercano al valor fenotípico. En términos de los genetistas, dichos caracteres tienen una alta heredabilidad. La selección fenotípica se puede aplicar con buenos resultados a estos caracteres. Otros caracteres, como el volumen, están altamente influenciados por el ambiente. En este caso, se dice que el carácter tiene una baja heredabilidad y el valor genético de los individuos o familias sólo se puede estimar a través de ensayos de progenie o clonales.

## **3.2 Selección fenotípica**

En mejoramiento genético forestal se usa tanto selección fenotípica como selección genética. La selección fenotípica se usa casi siempre en las primeras etapas del programa de mejoramiento.

En las primeras etapas se selecciona un número determinado de árboles con base en su apariencia fenotípica, tomando en cuenta específicamente los caracteres seleccionados para el programa de mejora. Es importante seleccionar adecuadamente la población base para efectuar la escogencia de árboles plus. Las poblaciones naturales de especies nativas se pueden usar para este fin. Sin embargo, en este tipo de poblaciones normalmente los árboles tienen edades distintas, por lo que es difícil hacer comparaciones en caracteres que dependen fuertemente de la edad. Con especies exóticas la situación es diferente. Estas especies necesitan crecer (en plantaciones) durante una generación en el país o ser evaluadas en ensayos de progenie antes de iniciar el programa de mejoramiento a nivel individual. En ocasiones, el programa se inicia antes de que se ejecuten los ensayos de procedencias, particularmente si existe buena información del uso práctico de la especie o de experiencias en otros países con clima similar. Esto ahorra tiempo, pero implica riesgos. En especies exóticas a menudo es posible seleccionar árboles en plantaciones donde resulta mucho más fácil. En estas condiciones los árboles tienen la misma edad por la que la selección es además más efectiva.

### Selección de árboles plus

Conociendo los criterios de selección y que la respuesta a la selección es mayor en caracteres de alta heredabilidad, se debe considerar el número de árboles necesarios para seleccionar. Esto depende de la importancia de la especie, la intensidad del programa, la capacidad de la organización que lo llevará a cabo y de la necesidad de propagar todos los árboles seleccionados. No se puede dar un número exacto, pero muchos programas inician con aproximadamente 200 árboles plus en la primera generación. No se debe seleccionar más de 10 árboles por hectárea.

Si no se puede recolectar material propagativo durante la selección, es importante marcar los árboles claramente. Comúnmente se pinta una circunferencia o anillo alrededor del árbol y un número sobre el mismo. Estas marcas pueden durar varios años, dependiendo de la especie, y se deben repintar cuando sea necesario.

Se debe mantener un registro de la información sobre los árboles seleccionados, incluyendo un mapa del área, datos del dueño e información geográfica.

### **3.3 Selección genotípica**

La selección genotípica se efectúa con base en el valor genético de las familias o individuos, el cual se estima mediante ensayos de progenie o clonales. Los resultados de estos ensayos forman la base para calcular la heredabilidad. La heredabilidad multiplicada por el valor fenotípico promedio de un grupo de árboles seleccionados es una estimación del valor genético promedio de dicho grupo de árboles (Wellendorf, 1992).

El valor genético de los clones se estima en ensayos clonales. El valor genético de las progenes se estima en ensayos de progenie.

El valor de cruce de un árbol también se puede estimar en ensayos de progenie. La selección genotípica se puede efectuar con todos los caracteres, pero como se mencionó antes, es particularmente útil en caracteres de baja heredabilidad (altura, volumen).

## **4. EVALUACION**

### **4.1 Ensayos de progenie y clonales**

Los ensayos de progenie se realizan con los siguientes objetivos:



1. Estimar el valor de cruce y la aptitud combinatoria general (ACG) de los padres.
2. Estimar la heredabilidad de ciertos caracteres.
3. Calcular la aptitud combinatoria específica (ACE).
4. Estimar el valor genético de las progenies.
5. Crear nuevas generaciones de las poblaciones de mejoramiento.

Los ensayos clonales se realizan con los siguientes objetivos:

1. Estimar el valor genético de los clones.
2. Estimar la heredabilidad en sentido amplio de determinados caracteres de interés.

Wellendorf (1992) brinda información más detallada sobre el significado y la estimación de la heredabilidad y otros parámetros genéticos.

La metodología sobre el establecimiento y manejo de ensayos genéticos de campo es descrita por Keiding (1992). Por otra parte, Graudal (1993) trata el tema del diseño y evaluación de ensayos.

#### Estimación del valor de cruce

El valor de cruce (ó aptitud combinatoria general, ACG) de un padre es su habilidad de cruzarse (o combinarse) con otros padres en general para producir descendencias superiores. Por ejemplo, un padre con alta aptitud combinatoria general para altura es aquel que produce descendencias altas cuando se combina con cualquier otro individuo.

Para estimar el valor de cruce se puede usar semilla tanto de polinización abierta como de polinización controlada. Si se usa semilla de polinización abierta sólo se conoce el árbol madre con certeza. Los donantes de polen son árboles del rodal y una proporción de fuentes lejanas. Entre más árboles participen en la polinización mejor es la estimación del valor de cruce del árbol madre. Por este motivo, la semilla de polinización abierta de un huerto semillero clonal puede dar una mejor estimación del valor de cruce que la semilla de un árbol plus recolectada en el bosque, porque la semilla de un ortet en un huerto se cosecha de varios ramets que están expuestos al polen de un mayor número de otros genotipos.

Si se usan cruces controlados para la selección de padres con un alto valor de cruce, el número de machos por hembra que participan en la polinización no debe ser muy pequeño. La obtención de semilla de polinización abierta es más fácil y barata. Además, al inicio del programa generalmente es más eficiente evaluar un número

grande de árboles plus con polinización abierta que un número pequeño con polinización controlada.

#### Aptitud combinatoria específica.

La aptitud combinatoria específica (ACE) se refiere a la diferencia del rendimiento promedio de la progenie de una cruce entre dos progenitores específicos, con respecto de lo que se esperaría de las ACG de ambos progenitores. La ACE siempre se refiere a una cruce y no a un determinado progenitor.

Los ensayos de progenies de hermanos completos (full-sib) brindan información tanto sobre la ACG de los individuos como sobre las ACE de las cruces específicas. Estos parámetros genéticos (ACG y ACE) resultan de la varianza genética aditiva y no aditiva, respectivamente.

La selección de árboles que participan en cruces con una alta ACE no se acostumbra mucho en mejoramiento forestal debido a varias razones: (1) para aprovechar esta superioridad, sólo se puede usar semilla de polinización controlada de los padres en cuestión; (2) la mayoría de los caracteres importantes son controlados principalmente por genes aditivos en vez de genes que actúan en combinaciones específicas; (3) la realización y evaluación de un gran número de árboles es muy costosa para encontrar sólo unas pocas cruces buenas; (4) las cruces específicas solo se pueden multiplicar masivamente por propagación vegetativa.

#### Estimación de la heredabilidad.

La estimación de parámetros genéticos, como varianza genética aditiva ( $V_A$ ), varianza debida a dominancia ( $V_D$ ), y heredabilidad ( $h^2 = V_A/V_P$ ), necesitan un gran número de progenies para que sea precisa. Graudal (1993) trata este tema en más detalle.

Frecuentemente se usan las progenies de polinización abierta para estimar la  $V_A$  y  $h^2$ . En estos casos se asume que los individuos de la progenie son medios hermanos. De hecho, lo que existe es una mezcla indefinida de hermanos y medios hermanos. La estimación de  $V_A$  y  $h^2$  será entonces muy alta.

#### Población de mejoramiento

Se la conoce también como población de cruzamiento.

Un ensayo de progenies puede también ser útil para la creación de la población base para la selección de la siguiente generación de árboles plus. Es muy importante que el número de familias en el ensayo no sea muy bajo. La población de mejoramiento no debe tener una base genética estrecha ya que la ganancia genética será muy pequeña si el número de familias e individuos es muy bajo. Por otra parte,

también es conveniente establecer, junto con el ensayo de progenies, una plantación con parcelas grandes de, por ejemplo, 200 árboles por familia. De esta manera se dispondrá de suficiente material para efectuar selecciones dentro de cada familia.

Los huertos semilleros de plántulas se usan también en muchos programas de mejoramiento. Existen ensayos de progenie con diseños específicos adecuados para que posteriormente y a través de raleos genéticos, puedan ser convertidos en huertos semilleros.

Esta es una manera económica para establecer huertos semilleros, pero a menudo se presentan conflictos con el propósito principal del ensayo de progenies. Por ejemplo, los ensayos de progenie se deben establecer en el área donde la especie normalmente se planta; sin embargo, un huerto semillero debe estar aislado de otras fuentes de polen de la misma especie. Por otra parte, un diseño óptimo para un huerto semillero de plántulas no necesariamente es el más adecuado para un ensayo de progenies.

#### Áreas demostrativas.

El establecimiento de ensayos de campo en varios sitios del área de plantación es indispensable para el mejoramiento forestal. Sin embargo, estos ensayos no son adecuados como unidades demostrativas para los usuarios del material mejorado: silvicultores, viveristas, dueños de bosques, autoridades de las agencias donantes o financieras, autoridades gubernamentales, etc. Por este motivo, es de mucha utilidad establecer plantaciones o parcelas demostrativas en áreas cercanas a la estación de mejoramiento.

#### **4.2 Establecimiento de ensayos**

Es necesario tener definidas las zonas de mejoramiento en que se desarrollará el programa. Si no se cuenta con información previa, se pueden usar las diferencias climáticas y de estructura del suelo para definir zonas homogéneas en las cuales se ejecutarán los programas.

Otro método más eficiente para delimitar las zonas de mejoramiento es usando los resultados de los ensayos de procedencias y de progenies (Wellendorf *et al.*, 1987, Pedersen, *et al.*, 1993). Para lograr este objetivo, es necesario establecer ensayos en un gran número de sitios. Dependiendo del área del país y de la variación en suelos y topografía, se necesitan de 10 a 20 sitios.

Usando la primera serie de ensayos de campo se pueden delimitar las zonas de mejoramiento. Posteriormente, es posible enfocar el programa hacia la solución de los problemas en cada zona.

En cada zona de mejoramiento se necesita una menor cantidad de ensayos. En la mayoría de los casos, tres o cuatro ensayos son suficientes para tener una representación adecuada de la variación de las condiciones ambientales dentro de la zona. En cada sitio, el experimento se debe dividir en bloques (repeticiones). La variación ambiental dentro de bloques debe ser la menor posible. En la práctica, esto significa que los bloques deben ser preferiblemente pequeños. Sin embargo, el tamaño de los bloques depende del número de progenies (familias) y del tamaño de parcela. En este sentido, la decisión final buscará un balance entre las dos situaciones.

Cuando existen muchas progenies, el tamaño de la parcela se debe reducir para mantener pequeño el tamaño del bloque y mínima la variación ambiental dentro del bloque. Pocas progenies permite usar parcelas mayores.

#### Diseño y consideraciones estadísticas.

El diseño experimental es un aspecto muy importante en los ensayos de progenie y clonales.

Desde el punto de vista estrictamente estadístico, las parcelas de un solo árbol son las más eficientes. Sin embargo, estas tienen algunos inconvenientes: son más difíciles de establecer, más sensibles a raleos, y no es posible calcular la variación dentro de parcela. Como regla empírica, los ensayos con más de 50 progenies deberían usar parcelas de un solo árbol, ensayos de 20-50 progenies usarían parcelas de cuatro a ocho árboles y ensayos de menos de 20 progenies parcelas de mayor tamaño. Para información más detallada sobre este tema consulte Graudal (1993).

## **5. RECOMBINACION**

La recombinación de genes ocurre durante el apareamiento.

La recombinación entre individuos selectos es la única manera para incrementar el valor de un cierto carácter. A través de selección y recombinación sucesiva es posible incrementar el número de genes aditivos de efecto positivo que determinan un carácter específico en un individuo.

### **5.1 Polinización abierta**

En la naturaleza, la polinización es abierta. Generalmente los árboles seleccionados en un programa de mejoramiento se establecen en huertos semilleros, donde ocurre la recombinación por polinización abierta. Es por eso que es importante

que el huerto esté aislado. De otra manera, otros árboles inferiores de los alrededores participarían en la polinización. Si se usa la polinización abierta para producir semilla a gran escala, la constitución genética de la semilla puede variar de año a año, debido a la variación que ocurre entre clones en la producción de flores y a variaciones en la participación de polen externo. Esto significa que las ganancias que se obtienen en un huerto en un determinado año son difíciles de predecir.

Si se usa polinización abierta para producir la siguiente generación de mejoramiento se pueden generar algunos problemas: (1) la ganancia resulta menor que la que se espera con polinización controlada; (2) no es posible mantener completamente el pedigree y (3) puede ocurrir endogamia. Es necesario considerar estos problemas cuando se tiene que decidir entre polinización abierta o controlada.

## 5.2 Polinización controlada

La polinización controlada es una actividad clave en la mayoría de los programas intensivos de mejoramiento.

Generalmente es más fácil realizar polinización controlada en especies polinizadas por viento que en especies polinizadas por insectos.

Los puntos principales son:

1. Mantener un control completo del pedigree.
2. Producir un número adecuado de combinaciones.

El control completo del pedigree es esencial para asegurar la máxima ganancia y para impedir la endogamia en las siguientes generaciones.

La utilización de la polinización controlada para producir semillas a nivel comercial es muy difícil en la mayoría de las especies. En los últimos años se ha recomendado para varias especies el uso de polinización controlada combinada con reproducción vegetativa masiva a través del enraizamiento de estacas. Este método combina la obtención de grandes ganancias con el conocimiento exacto de la constitución genética de las plantas.

Por otra parte, la producción de un número adecuado de combinaciones, tanto para producir la siguiente generación de mejoramiento como para estimar los parámetros genéticos, depende del diseño de apareamiento.

El diseño de apareamiento es el plan mediante el cual se determina cuáles cruces controlados se efectúan. En la literatura se han descrito un gran número de

diseños de apareamiento. El diseño que se seleccione depende del objetivo y del costo.

Las Figuras 1 a 4 y Cuadro 1 presentan cuatro tipos de diseños de apareamiento, los cuales han sido descritos por Ditlevsen (1985).

### Diseño dialélico completo.

Este es el mejor plan de cruzamiento, ya que incluye todos los cruces posibles (incluyendo cruces recíprocas) y provee la más completa información sobre las características genéticas de los clones estudiados.

Progenitores	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
2	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
3	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
4	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
5	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
6	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
7	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
8	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
9	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X
10	X	X	X	X	X	X	X	X	X	X

Figura 1. Diseño de apareamiento de dialélico completo. Las autocruzas se indican en la figura.

Este diseño brinda información sobre los efectos generales y específicos de las combinaciones y sus varianzas. El material constituye también el mejor punto de partida para la selección de individuos superiores o pares de clones adecuados para plantaciones biclonales.

Desafortunadamente, en la práctica este diseño es muy difícil de aplicar. A menudo, algunos clones producen cantidades muy pequeñas de flores femeninas o masculinas. Por otra parte, la desventaja más importante es el costo. Por ejemplo, un dialélico completo con 20 clones requiere 400 cruces controladas o 380 si se excluyen las autopolinizaciones. Por lo general, resulta poco realista invertir mucho en cada clon, por lo que comúnmente se usan otros diseños más económicos.

### Diseño dialélico parcial.

Este diseño se distingue del dialélico completo en que cada clon no se cruza con todos demás. El dialélico parcial puede tener varias conformaciones. En la Figura 2 se muestran dos tipos diferentes.

Progenitores	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1		X	X	X	X					
2			X	X	X					
3				X	X					
4					X					
5										
6							X	X	X	X
7								X	X	X
8									X	X
9										X
10										

### Diseño de apareamiento dialélico parcial desconectado

Progenitores	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1					X	X				
2						X	X			
3							X	X		
4								X	X	
5									X	X
6										X
7	X									
8	X	X								
9		X	X							
10			X	X						

### Diseño de apareamiento dialélico de Brown

Figura 2. Diseños de apareamiento dialélico parcial

Tal como se puede esperar, estos diseños son menos eficientes que el diseño completo. Sin embargo, un gran número de descendencias se pueden evaluar a un costo relativamente bajo. Desafortunadamente, los valores faltantes, los cuales no se pueden evitar en diseños a gran escala, complican el trabajo de cálculo considerablemente.

### Diseño de apareamiento factorial

En este diseño un número de clones asignados como madres se cruzan con un número común de clones asignados como padres. A menudo se usa un número pequeño de padres, llamados también probadores comunes. Este diseño se puede considerar también como una sección del dialélico completo, incluyendo todas las posibles combinaciones de un grupo de madres con un grupo de padres (Figura 3).

Progenitores	1	2	3	4
5	x	x	x	x
6	x	x	x	x
7	x	x	x	x
8	x	x	x	x
9	x	x	x	x
10	x	x	x	x

Figura 3. Diseño de apareamiento factorial

Este diseño se usa ampliamente en los Estados Unidos con el nombre de Carolina del Norte II. Comúnmente se usan sólo cuatro padres, pero como regla general el número de padres depende de la magnitud de los efectos combinatorios específicos. Cuando estos efectos son importantes y se utilizan muy pocos padres, la estimación de la aptitud combinatoria general de las madres puede ser bastante errónea.

Dado que el diseño incluye pocos padres y los clones que actúan como madres son diferentes de los padres, es difícil comparar la aptitud combinatoria general de cada progenitor.

Resulta también difícil seleccionar las progenies para la próxima generación de huertos semilleros, dado que los individuos seleccionados (especialmente cuando son muy pocos padres) a menudo están emparentados. El número máximo de individuos no emparentados que se puede seleccionar es igual al número de padres utilizados.



El diseño tiene la ventaja de que su implementación es simple y relativamente barata. Al mismo tiempo, el análisis de los resultados es más fácil.

#### Apareamientos de un sólo par

Con este sistema, cada clon participa sólo una vez como progenitor.

Este diseño funciona bien si el objetivo es producir una población para la selección de individuos para un nuevo huerto semillero o para usarla en trabajos de mejoramiento continuo.

Con este diseño se puede evaluar un gran número de clones en el mismo plan, lo que significa una ventaja tomando en cuenta que el producir descendencia a través de cruza controladas es normalmente muy caro.

Por otra parte, el diseño no permite estimar la aptitud combinatoria general y específica, así como sus varianzas, ya que cada progenitor participa en una sola cruce. Por lo tanto, el sistema no es útil para realizar aclareos genéticos en huertos, ni para estimar otros parámetros genéticos. Sin embargo, si los efectos combinatorios específicos son pequeños, el sistema permite eliminar los peores clones. Por otra parte, si los efectos combinatorios específicos son grandes, el sistema permite seleccionar las mejores combinaciones de clones para su uso en plantaciones de cruza específicas.

Progenitores	1	2	3	4	5	6	7	8	9	10
1										
2	X									
3										
4			X							
5										
6					X					
7										
8							X			
9										
10									X	

Figura 4. Diseño de apareamiento de un solo par.

Cuadro 1. Comparación de diseños de apareamiento

Diseño	Determinación de la ACG	Selección de árboles plus	Costo	Determinación de la varianza de ACG Y ACE
Dialélico completo	Excelente	Excelente	Muy alto Impráctico si son muchos clones	Excelente
Dialélico parcial	Buena	Muy buena	Razonable	Bueno para ACG. La varianza de ACE es posible, pero el procesamiento de los datos es difícil
Factorial	Buena	Sólo en pocos casos y cuando la depresión endogámica es baja	Razonable	Buena
Apareamiento simple	Nula	Buena	Muy bajo	Nula

ACG = Aptitud combinatoria general    ACE = Aptitud combinatoria específica

## 6. PRODUCCION MASIVA DE MATERIAL MEJORADO

El desarrollo de material mejorado y la documentación de la ganancia genética durante una o más generaciones es muy importante. Sin embargo, tanto o más importante es producir el material mejorado a gran escala, para su uso práctico a

nivel de plantaciones comerciales. Estas actividades pueden ejecutarse independientemente, pero a menudo se desarrollan en forma combinada en los programas de mejoramiento.

La reproducción masiva a través de propagación vegetativa es descrita por Roulund y Olesen (1992) y la producción a gran escala de semilla en huertos semilleros es tratada en detalle por Granhof (1991).

## 7.- LITERATURA SELECCIONADA

- Ditlevsen, B. 1985. Controlled crossing systems and designs. Forest Tree Improvement. Rome. FAO Forestry paper 20, p.148-159.
- Franklin, E.C. 1986. Estimation of genetic parameters through four generations of selection in *Eucalyptus grandis*. Proc. from IUFRO Joint Meeting of Working Parties on Breeding Theory, Progeny Testing and Seed Orchards. Williamsburg, p. 200-209.
- Granhof, J. 1991. Seed orchards. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Denmark. Lecture notes D-8. 28p.
- Graudal, L. 1993. Introduction to principles in design and evaluation of tree improvement experiments. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Denmark. Lecture notes D-6. 51p.
- Keiding, H. 1992. Field testing practices of a tree improvement programme. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Denmark. Lecture notes D-5. 17p.
- Kleinschmit, J. 1980. Limitation for restriction of genetic variation. *Silvae Genetica*. 28: 61-67.
- Libby, W.J. 1973. Domestication strategies for forest trees.- *Can. J. For. Res.* 3: 265-276.
- Pedersen, A.P.; Olesen, K.; Graudal, L. 1993. Tree improvement species and provenance level. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Denmark. Lecture notes D-3. 12p.
- Roulund, H. 1981. Problems of clonal forestry in spruce and their influence on breeding strategy. *Forestry Abstracts* 42 (10) 457-451.

- Roulound, H.; Olesen, K.** 1992. Mass production of improved material. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Denmark. Lecture notes D-7. 13p.
- Shelbourne, C.J.A.** 1969. Tree breeding methods. - Forest Res. Inst. NZ For. Service. Technical paper no. 55, 43 pp.
- Wellendorf, H.** 1987. Evaluation of an international series of *Gmelina arborea* provenance trials. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Arboretum, Horsholm. Denmark. 110p.
- Wellendorf, H.** 1991. Tree improvement strategies. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Denmark. Lecture notes D-10. 10p.
- Wellendorf, H.; Ditlevsen, B.** 1992. Introduction to forest genetics. Danida Forest Seed Centre. Humlebaek, Denmark. Lecture notes D-2. 13p.
- Wright, J.W.** 1976. Introduction to forest genetics. Academic Press, New York. 463 pp.
- Zobel, B.; Talbert, J.** 1984. Applied forest tree improvement. John Wiley & Sons. New York. 505 pp.