

# PARÁMETROS GENÉTICOS PARA CARACTERÍSTICAS DE CRECIMIENTO TEMPRANO DE *Pinus radiata* D. DON BAJO DIFERENTES TRATAMIENTOS DE RIEGO

Sergio E. Espinoza Meza<sup>a</sup>, Carlos R. Magni Díaz<sup>b</sup> y Víctor A. Martínez Mondaca<sup>c</sup>

a) Ingeniero Forestal, Chile, sespinoz@ucm.cl, Universidad Católica del Maule.  
+56 071 203512, Avenida San Miguel N° 3605 Talca, C

b) Ingeniero Forestal, Doctor en Ciencias Forestales, Chile, crmagni@uchile.cl.

c) Médico Veterinario, Ph.D Genética Animal, Chile, vmartine@uchile.cl,  
Universidad de Chile.

## Resumen

En un ensayo de vivero consistente en 69 familias de medios hermanos de *Pinus radiata* D. Don originados de árboles *plus* de primera generación, seleccionados en diferentes sitios de Chile Central, se estimó parámetros genéticos sobre plantas de cinco meses de edad, analizando el efecto del tratamiento de riego (riego normal y riego limitado). Todas las variables analizadas (diámetro a la altura de cuello, altura, biomasa aérea, biomasa radical, biomasa total, índice de esbeltez y cociente tallo:raíz) varían significativamente entre familias ( $p < 0,01$ ). Las variables que mostraron el control genético más elevado fueron el cociente tallo:raíz ( $h^2 = 0,80$ ) y la altura ( $h^2 = 0,63$ ) en el tratamiento de riego normal. Las correlaciones genéticas más elevadas fueron entre la biomasa total y biomasa aérea ( $r_g = 0,90$ ), biomasa total y biomasa aérea ( $r_g = 0,89$ ) y se observaron en el tratamiento de riego normal. En contraste, hubo correlaciones genéticas negativas entre el diámetro a la altura del cuello y el índice de esbeltez ( $r_g = -0,61$ ), y entre la biomasa radical y el cociente tallo:raíz ( $r_g = -0,37$ ). Las correlaciones Tipo B fueron todas significativamente distintas de cero, excepto para la altura y el índice de esbeltez (0,44 y 0,62 respectivamente), sugiriendo la presencia de interacción genotipo-ambiente. Dado que la altura y diámetro de cuello tuvieron altos valores de heredabilidad y altas correlaciones genéticas con las variables de biomasa, son altamente recomendables para iniciar procesos de selección temprana en programas de mejoramiento genético.

## 1. Introducción

*Pinus radiata* (*Pinus radiata* D. Don), con cerca de 1,46 millones de hectáreas plantadas, es la especie exótica económicamente más importante de los bosques chilenos. Presenta tasas de crecimiento promedio de 15 a 36 m<sup>3</sup> ha<sup>-1</sup> año<sup>-1</sup>, lo cual ha sido un factor clave para su expansión en el país. Las condiciones edafoclimáticas, especialmente en las zonas Mediterráneas y Templadas de Chile (34° 7' y 39° 75' S), le permiten un crecimiento más rápido que en su zona de distribución natural, California, E.E.U.U. (Burns y Honkala 1990, Muñoz 2008). El mejoramiento genético de la especie en Chile, se inició en los años 70 y tiene como objetivo de mejora el volumen, considerando sanidad, forma del fuste y la copa y posteriormente se ha incluido la calidad de la madera. Sin embargo, a pesar de las estimaciones de cambio climático, que afectarán el establecimiento y productividad de la especie, no existen estimaciones de heredabilidad para caracteres morfológicos involucrados en tolerancia a la sequía.

En Chile, se prevé en el futuro un aumento de los episodios de sequía, lo que implica un clima más mediterráneo hacia el sur de país (CONAMA, 2006, 2009), afectando el establecimiento y la productividad de las plantaciones de *Pinus radiata*. En este contexto, el objetivo del presente estudio es estimar parámetros genéticos de caracteres

morfológicos que participan en la tolerancia a la sequía en plántulas de cinco meses de edad de *P. radiata* en vivero, como una herramienta para explorar el potencial de pruebas de progenie de corta edad en el programa de mejoramiento genético de pino radiata chileno.

## **2. Materiales y Métodos**

### **2.1. Materiales**

Se estudia un subconjunto de la primera generación de “árboles plus” debido a su crecimiento superior a través del volumen y forma del fuste entre los años 1976-1978. Los que constituyen hoy familias de polinización abierta del programa de mejoramiento genético de pino radiata en Chile, de las cuales ochenta fueron seleccionadas al azar desde huertos semilleros pertenecientes a las empresas Forestal Celco S.A. y Forestal Mininco S.A. Los “árboles plus” pertenecen a cinco diferentes sitios, que van desde la Cordillera de la Costa, Valle Central, Precordillera de los Andes de las regiones Séptima y Octava, (Figura 1, Tabla I).

### **2.2. Métodos**

Las semillas de las 80 familias fueron sembradas en contenedores de 140 cm<sup>3</sup> y permanecieron en vivero durante 20 semanas con un régimen de riego normal (riego diario a capacidad de campo). La temperatura media y la humedad relativa oscilaron entre 14-20° C y 60-70%, respectivamente. Debido a la edad de las semillas seleccionadas (más de 20 años de almacenamiento en frío), sólo 69 familias tuvieron una germinación exitosa. Siete semanas después de la siembra, los contenedores con germinación exitosa fueron colocadas en un diseño experimental como se muestra en la Figura 2. El diseño es aleatorio considerando las cinco zonas de colecta y las 69 familias germinadas. Los dos tratamientos de riego son: riego normal (WW) y riego limitado (WS), con tres réplicas cada una. Cada réplica contenía las 69 familias y cada familia 16 plantas. En vivero se controló estrictamente el efecto del viento, la posición de las bandejas con respecto al ángulo solar y la deriva en el sistema de riego, a fin de que todas las plántulas recibieran las mismas condiciones de crecimiento.

Veinte semanas después de la siembra, las plántulas fueron sometidas a dos regímenes de riego: (1) Riego normal (WW), con riego a capacidad de campo para mantener un potencial hídrico al alba ( $\psi_{pd}$ ) de -0,05 MPa; (2) Riego limitado (WS), consistente en tres ciclos de 12 días de suspensión del riego hasta alcanzar un  $\psi_{pd}$  -1,5 MPa para luego regar al día 13 hasta capacidad de campo. Después de la aplicación de los tratamientos, se consideraron sólo a 56 familias en el análisis estadístico, pues tenían al menos 15 plantas vivas en el tratamiento de riego limitado (WS).

### **2.3. Mediciones y relaciones morfológicas**

Las plántulas fueron cosechadas ocho semanas después del inicio del tratamiento de riego limitado. A cada planta se le midió la altura total (H), el diámetro del cuello (D), el peso seco del tallo (SDW) y el peso seco de las raíces (RDW) (en estufa a 60° C y 24 h). Adicionalmente se calculó el peso seco total (TDW = SDW + RDW), el cociente raíz:tallo (RSR = RDW/SDW) y el índice de esbeltez (HDR = H/D). Se cosechó 15 plantas por tratamiento y por familia, estando todas las mediciones de peso y lineales en gramos (g) y milímetros (mm), respectivamente.

### **2.3. Análisis estadístico**

Las estimaciones de parámetros genéticos se basan en el método residual de máxima verosimilitud. Para estimar los componentes de varianza genética y heredabilidad en sentido estricto, se utilizó software Asreml y el siguiente modelo mixto de efectos lineales.

$$Y_{ijkl} = \mu + W_i + O_j + F(O)_{kj} + W_i * F(O)_{kj} + e_{ijkl} \quad (1)$$

Donde,  $Y_{ijkl}$  = variable respuesta,  $\mu$  media general fija,  $R_i$  efecto fijo del  $i$ -ésimo tratamiento de riego,  $S_j$  efecto aleatorio del  $j$ -ésimo sitio,  $F(S)_{kj}$  efecto aleatorio de la  $k$ -ésima familia anidada en el  $j$ -ésimo sitio,  $R_i * F(S)_{kj}$  efecto aleatorio de la interacción del  $i$ -ésimo tratamiento de riego con de la  $k$ -ésima familia anidada en el  $j$ -ésimo sitio,  $e_{ijkl}$  error aleatorio residual.

Se estimó componentes de varianza, heredabilidad en sentido estricto, correlaciones genéticas y fenotípicas para todas las variables analizadas en ambos tratamientos de riego.

### **3. Resultados**

#### **3.1. Crecimiento, biomasa y heredabilidad**

La Tabla II muestra los promedios para los dos tratamientos de riego para las variables analizadas. Como era de esperar, en el tratamiento de riego limitado, los valores fueron inferiores en comparación al tratamiento de riego normal. Por ejemplo, hubo una reducción del 14% y el 23% de altura total y diámetro de cuello, respectivamente.

En la Tabla III se observa que las estimaciones de heredabilidad para todos los rasgos bajo el régimen de riego normal fueron medias a altas ( $0,31 \pm 0,10$  a  $0,80 \pm 0,16$ ). Los valores de heredabilidad más altos se observaron en H y RSR ( $0,63 \pm 0,14$  y  $0,80 \pm 0,16$ , respectivamente). En el tratamiento de riego limitado, los valores oscilaron entre  $0,29 \pm 0,10$  a  $0,63 \pm 0,14$ , siendo el valor más alto para RSR. Para ambos tratamientos, la varianza familiar tuvo una contribución de 14,6% de la varianza fenotípica total, lo que sugiere que el control genético de los rasgos es moderado a alto, mientras que la varianza residual varió desde 77 hasta 90%.

#### **3.2. Correlaciones genéticas y fenotípicas**

Las correlaciones genéticas para todas las variables fueron generalmente mayores que las correlaciones fenotípicas (Tabla IV). La correlación genética entre H y SDW para el tratamiento de riego normal fue de  $0,90 \pm 0,04$ . Del mismo modo, la correlación entre D y SWD fue de  $0,80 \pm 0,08$  en el mismo tratamiento de riego. Como era de esperar, D y H se correlacionan fuertemente con las tres variables de biomasa (SDW, RDW, TDW). Se observó una correlación genética alta y positiva entre SDW, RDW y TDW ( $R > 0,45$ ), en ambos tratamientos de riego. También se detectó una correlación negativa y baja entre RDW y RSR en los dos tratamientos de riego.

### **4. Discusión y conclusiones**

En este estudio, las variables D, H y RSR mostraron una alta heredabilidad (Tabla III), lo que en parte se atribuye a las condiciones de crecimiento (medio ambiente controlado en vivero), implicando una variación ambiental baja. Las heredabilidades fueron moderadas a altas en los dos tratamientos de riego (Tabla III), aunque en el tratamiento de riego normal (WW), éstas fueron generalmente más altas y significativamente diferentes en

comparación al riego limitado (WS), el cual además tuvo un efecto negativo sobre el crecimiento de las plántulas (Tabla II). Esto puede sugerir que la expresión genética de estos rasgos se vio afectada por la restricción de hídrica impuesta. Cuando ambos tratamientos se analizaron en forma conjunta (datos no mostrados), las heredabilidades fueron más bajas para algunos de los rasgos analizados, debido al impacto de la interacción familia X tratamiento de riego.

Aunque el tratamiento de restricción hídrica aplicado fue tal vez demasiado corto para obtener datos concluyentes sobre los mecanismos de regulación de la sequía a nivel de órganos y planta, se debe indicar que éste fue lo suficiente intenso como para afectar a los mecanismos de regulación de la respuesta morfológica a la sequía. El tratamiento de riego tuvo un efecto significativo tanto en el crecimiento como en la partición de la biomasa, dando lugar a plantas con mayor asignación de biomasa radical, en desmedro de biomasa aérea, situación que se observó especialmente en las familias de las zonas de interior (por ejemplo, suelos arenosos de la VIII Región) (datos no mostrados). Es sabido que el estrés hídrico en general favorece la asignación de biomasa radical a expensas de la parte aérea (Joly et al 1989; Tan et al, 1995; Harfouche 2003).

Se ha sugerido que un alto cociente raíz:tallo (RSR) es un rasgo deseable a la hora de seleccionar genotipos para ambientes más secos (Grossnickle 2000). En este estudio para RSR se encontró los valores más altos de heredabilidad, junto a una moderada correlación genética con H y D. Una RSR alta se considera esencial en la tolerancia a la sequía, ya que indica una alta capacidad de extracción de la humedad de las raíces en relación con la transpiración de la parte aérea. La correlación entre el peso seco y la altura o diámetro del cuello puede ser usada para simplificar la recopilación de datos de biomasa y podría ser utilizada para desarrollar ecuaciones alométricas específicas que permitan estimar peso seco (Shaiek et al 2011; Levia 2008; Muukkonen 2007).

La acumulación de biomasa total (TDW) se correlacionó significativamente con H, independientemente del tratamiento de riego, lo que indica una estrecha asociación genética entre los dos rasgos. Las correlaciones genéticas entre las diferentes características pueden resultar de la pleiotropía, lo que significa que un gen de un locus determinado influye en la expresión de varios rasgos (Robinson 1959).

Basándose en los resultados de este estudio se puede concluir que H y D se pueden recomendar para ser incorporadas en pruebas de selección temprana de un programa de mejoramiento genético de *P. radiata*. Sin embargo, la evaluación de las correlaciones juvenil-adulto deben ser considerados antes de desechar cualquier rasgo de selección temprana.

## Referencias

- Burns RM, Honkala BH (1990) Silvics of North America: 1. Conifers. Agriculture Handbook.
- CONAMA (2006) Estudio de la variabilidad climática en Chile para el Siglo XXI Informe Final Texto. Realizado por: Departamento de Geofísica Facultad de Ciencias. Físicas y Matemáticas Universidad de Chile 71 p.
- CONAMA (2009) Análisis de vulnerabilidad del sector silvoagropecuario, recursos hídricos y edáficos de Chile frente a escenarios de cambio climático. Capítulo: "Impactos productivos en el sector silvoagropecuario de Chile frente a escenarios de cambio climático". Gobierno de Chile, CONAMA-ODEPA-FIA. Ejecutor: Centro de Agricultura y Medio Ambiente (AGRIMED) Facultad de Ciencias Agronómicas. Universidad de Chile. 58 p.

Grossnickle SC (2000) Ecophysiology of northern spruce species: the performance of planted seedlings. NRC Press, Ottawa.

Harfouche A (2003) Retrospective early test for adult vigor of *Pinus pinaster* families grown under two water regimes. Implications for early selection. Ann For Sci 60:539-547.

Joly RJ, Adams WT, Stafford SG (1989) Phenological and morphological responses of mesic and dry sites sources of coastal Douglas-fir to water deficit. For Sci 35: 987-1005.

Muñoz M (2008) Silvicultura de *Pinus radiata* D. Don. Editorial Universidad de Talca. Talca.

Tan W, Blake TJ, Boyle TJB (1995) Early selection for drought tolerance and relationship to dry weight partitioning in black spruce families. For Sci 41:168-180.

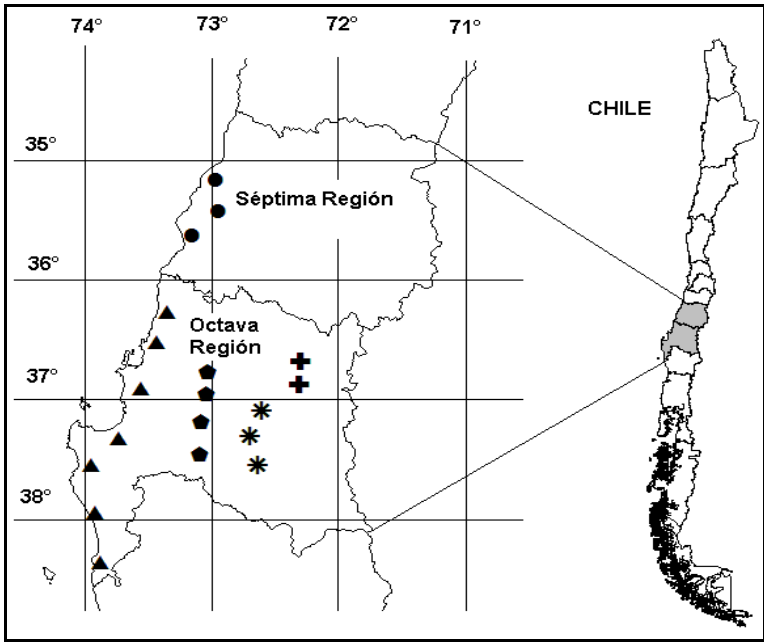


Figura 1. Ubicación de los **árboles plus** de *Pinus radiata* seleccionados entre los años 1976-1978 (\* = Suelos arenosos VIII Región, ● = VII Región Costa, ▲ = VIII Región Costa, ✚ = Precordillera de los Andes VIII Región, ◆ = Valle Central VIII Región).

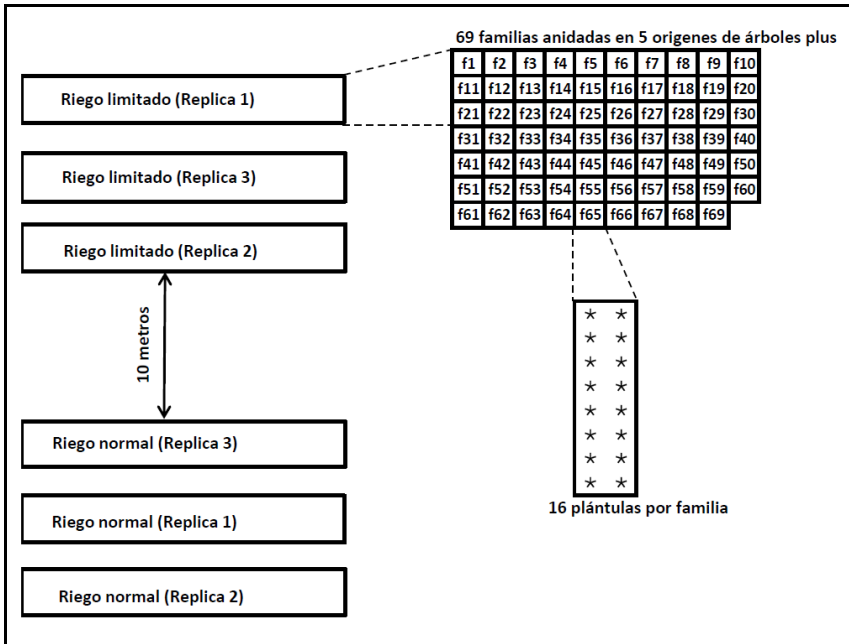


Figura 2. Diseño experimental para las 69 familias germinadas. Las familias fueron aleatorizados en las tres repeticiones.

Tabla I. Características geográficas y climáticas de las zonas de colecta de árboles plus de Pino radiata.

Origen de los árboles plus	Precipitación anual (mm)	Material geológico parental	Ubicación		Número de familias
			Latitud S	Longitud W	
Suelos arenosos VIII Región	1.100-1.208	Arenas	37° 31'	72° 04'	21
VII Región Costa	450-950	Granítico-metamórfico	35° 21'	72° 27'	18
VIII Región Costa	1.300	Granítico-metamórfico	38° 14'	73° 17'	27
Precordillera de los Andes VIII Región	1.600	Cenizas volcánicas	36° 39'	71° 40'	5
Valle Central VIII Región	1.000-1.300	Arenas	36° 56'	72° 22'	9



Tabla II. Diferentes características morfológicas de las 56 familias de medio hermanos de pino radiata creciendo en diferentes regímenes de riego (media  $\pm$  DE de la media; n =840).

Carácter morfológico	Régimen de riego aplicado	
	Riego normal	Riego limitado
<b>H (cm)</b>	13,7 $\pm$ 0,09 a	11,9 $\pm$ 0,09 b
<b>D (mm)</b>	2,6 $\pm$ 0,02 a	2,0 $\pm$ 0,01 b
<b>HDR</b>	5,4 $\pm$ 0,03 a	6,1 $\pm$ 0,04 b
<b>RSR</b>	1,1 $\pm$ 0,00 a	1,1 $\pm$ 0,00 ab
<b>SDW (g)</b>	2,1 $\pm$ 0,01 a	1,8 $\pm$ 0,00 b
<b>RDW (g)</b>	1,8 $\pm$ 0,01 a	1,6 $\pm$ 0,00 b
<b>TDW (g)</b>	3,9 $\pm$ 0,02 a	3,4 $\pm$ 0,01 b

Altura total (H), diámetro del cuello (D), índice de esbeltez (HDR), cociente tallo:raíz (RSR), peso seco del tallo (SDW) y el peso seco de las raíces (RDW) y peso seco total (TDW).

Tabla III. Características morfológicas de los 56 familias de medio hermanos de pino radiata creciendo en los dos que regímenes de riego y las estimaciones de heredabilidad y los errores estándar asociados, y el coeficiente de variación genética aditiva (%) (*en cursiva*).

Tratamiento	D	H	SDW	RDW	TDW	HDR	RSR
<b>Riego normal</b>	0,49±0,13	0,63±0,14	0,48±0,12	0,37±0,11	0,37±0,11	0,31±0,10	0,80±0,16
	<i>6,02</i>	<i>8,03</i>	<i>2,41</i>	<i>0,58</i>	<i>1,86</i>	<i>2,91</i>	<i>1,20</i>
<b>Riego limitado</b>	0,53±0,13	0,34±0,10	0,29±0,10	0,54±0,13	0,36±0,11	0,56±0,13	0,63±0,14
	<i>8,33</i>	<i>6,54</i>	<i>1,59</i>	<i>0,65</i>	<i>1,53</i>	<i>5,61</i>	<i>0,78</i>

Altura total (H), diámetro del cuello (D), índice de esbeltez (HDR), relación raíz/tallo (RSR), peso seco del tallo (SDW) y el peso seco de las raíces (RDW) y peso seco total (TDW).

Tabla IV. Correlaciones de las características fenotípicas (diagonal superior)  $\pm$  SE y genética (diagonal inferior)  $\pm$  SE, de las 56 familias de medio hermanos familias de pino radiata para los dos regímenes de riego.

Variables morfológicas	D	H	SDW	RDW	TDW	HDR	RSR
<b>Riego normal</b>							
D	-	0,57 $\pm$ 0,02	0,69 $\pm$ 0,01	0,54 $\pm$ 0,02	0,67 $\pm$ 0,02	-0,32 $\pm$ 0,03	0,25 $\pm$ 0,03
H	0,72 $\pm$ 0,10	-	0,76 $\pm$ 0,01	0,60 $\pm$ 0,02	0,75 $\pm$ 0,01	0,56 $\pm$ 0,02	0,28 $\pm$ 0,03
SDW	0,80 $\pm$ 0,08	0,90 $\pm$ 0,04	-	0,70 $\pm$ 0,02	0,93 $\pm$ 0,00	0,19 $\pm$ 0,03	0,47 $\pm$ 0,03
RDW	0,32 $\pm$ 0,18	0,42 $\pm$ 0,16	0,45 $\pm$ 0,16	-	0,90 $\pm$ 0,00	0,14 $\pm$ 0,03	-0,28 $\pm$ 0,03
TDW	0,70 $\pm$ 0,11	0,81 $\pm$ 0,07	0,89 $\pm$ 0,04	0,80 $\pm$ 0,07	-	0,18 $\pm$ 0,03	0,13 $\pm$ 0,03
HDR	-0,05 $\pm$ 0,22	0,65 $\pm$ 0,13	0,43 $\pm$ 0,19	0,28 $\pm$ 0,22	0,43 $\pm$ 0,20	-	*0,08 $\pm$ 0,03
RSR	0,54 $\pm$ 0,14	0,59 $\pm$ 0,13	0,65 $\pm$ 0,11	-0,37 $\pm$ 0,17	0,25 $\pm$ 0,19	0,23 $\pm$ 0,20	-
<b>Riego limitado</b>							
D	-	0,50 $\pm$ 0,02	0,54 $\pm$ 0,02	0,53 $\pm$ 0,02	0,59 $\pm$ 0,02	-0,38 $\pm$ 0,03	0,01 $\pm$ 0,04
H	0,34 $\pm$ 0,19	-	0,74 $\pm$ 0,01	0,58 $\pm$ 0,02	0,73 $\pm$ 0,01	0,57 $\pm$ 0,02	0,17 $\pm$ 0,03
SDW	0,30 $\pm$ 0,20	0,82 $\pm$ 0,08	-	0,67 $\pm$ 0,02	0,91 $\pm$ 0,00	0,25 $\pm$ 0,03	0,41 $\pm$ 0,03
RDW	0,38 $\pm$ 0,16	0,38 $\pm$ 0,18	0,48 $\pm$ 0,16	-	0,90 $\pm$ 0,00	0,10 $\pm$ 0,03	-0,39 $\pm$ 0,03
TDW	0,40 $\pm$ 0,17	0,66 $\pm$ 0,12	0,82 $\pm$ 0,07	0,89 $\pm$ 0,04	-	0,20 $\pm$ 0,03	0,02 $\pm$ 0,03
HDR	-0,61 $\pm$ 0,13	0,52 $\pm$ 0,15	0,38 $\pm$ 0,19	-0,05 $\pm$ 0,19	0,15 $\pm$ 0,20	-	0,17 $\pm$ 0,03
RSR	-0,12 $\pm$ 0,19	0,28 $\pm$ 0,19	0,27 $\pm$ 0,20	-0,70 $\pm$ 0,11	-0,32 $\pm$ 0,19	0,35 $\pm$ 0,17	-

Todas las correlaciones fenotípicas con  $P < 0,01$ , excepto para \* =  $P < 0,05$ . Altura total (H), diámetro del cuello (D), índice de esbeltez (HDR), cociente tallo:raíz (RSR), peso seco del tallo (SDW) y el peso seco de las raíces (RDW) y peso seco total (TDW).